

552, 013

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
14. Oktober 2004 (14.10.2004)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2004/087902 A2(51) Internationale Patentklassifikation⁷: C12N 9/10,
15/82, C12P 7/64, A01H 5/00

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2004/003224

(22) Internationales Anmeldedatum:
26. März 2004 (26.03.2004)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
103 14 759.4 31. März 2003 (31.03.2003) DE
103 48 996.7 17. Oktober 2003 (17.10.2003) DE(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme
von US): UNIVERSITY OF BRISTOL [GB/GB]; Senate
House, 3rd Floor, Tyndall Avenue, Bristol BS8 1TH (GB).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): RENZ, Andreas
[DE/DE]; Heinrich-von-Kleist-Str. 6, 67117 Limburger-
hof (DE). BAUER, Jörg [DE/DE]; Friedrich-Profit-Str.
56, 67063 Ludwigshafen (DE). FRENTZEN, Margit
[DE/DE]; Worringerweg 1, 52072 Aachen (DE). SÖZER,
Nursen [DE/DE]; Klosterstr. 38a, 52531 Übach-Palen-
berg (DE). KEITH, Stobart [GB/GB]; 6 Julius Road,Bishopston, Bristol BS7 8EN (GB). FRASER, Thomas
[GB/GB]; 19 Pycroft Ave, Henleaze, Bristol BS9 4NL
(GB). LAZARUS, Colin, M. [GB/GB]; 119 York Road,
Montpelier, Bristol BS6 5QG (GB). QI, Baoxiu [GB/GB];
4 Cumberland House, Norfolk Crescent, Bath BAI 2BG
(GB). ABBADI, Amlne [DE/DE]; Lübbesmeyer Weg
26, 22549 Hamburg (DE). HEINZ, Ernst [DE/DE];
Puttkampsweg 13, 22609 Hamburg (DE).(74) Anwalt: PRESSLER, Uwe; BASF Aktiengesellschaft,
67056 Ludwigshafen (DE).(81) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare nationale Schutzrechtsart): AE, AG, AL,
AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH,
CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES,
FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE,
KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD,
MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG,
PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM,
TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM,
ZW.(84) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare regionale Schutzrechtsart): ARIPO (BW,
GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM,
ZW), eurasisches (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,
TM), europäisches (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK,

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: NOVEL PLANT ACYLTRANSFERASES SPECIFIC FOR LONG-CHAINED, MULTIPLY UNSATURATED FATTY
ACIDS(54) Bezeichnung: NEUE PFLANZLICHE ACYLTRANSFERASEN SPEZIFISCH FÜR LANGKETTIGE MEHRFACH UNGE-
SÄTTIGTE FETTSÄUREN(57) Abstract: The invention relates to a method for the production of long-chained, multiply unsaturated fatty acids in an or-
ganism, wherein nucleic acids coding for polypeptide with acyltransferase activity are introduced into the organism. Said nucleic
acid sequences can be advantageously expressed in the organism, optionally together with other nucleic acid sequences coding for
polypeptides of the biosynthesis of the fatty acid or lipid metabolism. The invention also relates to a method for the production of
oils and/or triacylglycerides with an increased content of long-chained, multiply unsaturated fatty acids. The invention further relates
to the nucleic acid sequences, nucleic acids constructs vectors and organisms containing the inventive nucleic acid sequences, vec-
tors containing the nucleic acid sequences and/or nucleic acid constructs and transgenic organisms containing the above-mentioned
nucleic acid sequences, nucleic acid constructs and/or vectors. The invention additionally relates to oils, lipids and/or fatty acids
produced according to the inventive method and to the utilization thereof.(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von langkettigen mehrfach ungesättigten
Fettsäuren in einem Organismus, indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Acyltrans-
feraseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäurese-
quenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäureoder Lipidstoffwechsels codieren, in dem Organismus exprimiert werden.
Weiter hin betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triacylglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an
langkettigen mehrfach ungesättigten Fettsäuren. Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonst-
rukte, Vektoren und Organismen enthaltend die erfindungsgemässen Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte, Nukleinsäu-
resequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen,
Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren. Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach
dem erfindungsgemässen Verfahren und deren Verwendung.

WO 2004/087902 A2

Best Available Copy



EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PL, PT,
RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

*Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Ab-
kürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Co-
des and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der
PCT-Gazette verwiesen.*

Veröffentlicht:

- *ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu ver-
öffentlichen nach Erhalt des Berichts*

Neue pflanzliche Acyltransferasen spezifisch für langkettige mehrfach ungesättigte Fettsäuren

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von langkettigen mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus, indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Acyltransferaseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren, in dem Organismus exprimiert werden. Weiterhin betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triacylglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an langkettigen mehrfach ungesättigten Fettsäuren.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte, Vektoren und Organismen enthaltend die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Vektoren enthaltend die Nukleinsäuresequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren.

Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach dem erfindungsgemäßen Verfahren und deren Verwendung.

Fettsäuren und Triacylglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem, ob es sich um freie gesättigte und ungesättigte Fettsäuren oder um Triacylglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte ω -3-Fettsäuren und ω -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten ω -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (= DHA, C22:6 ^{Δ 4,7,10,13,16,19}) oder Eisosapentaensäure (= EPA, C20:5 ^{Δ 5,8,11,14,17}) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der ungesättigten Fettsäure DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

Im folgenden werden mehrfach ungesättigte Fettsäuren als PUFA, PUFAs, LCPUFA oder LCPUFAs bezeichnet (poly unsaturated fatty acids, **PUFA**, mehrfach ungesättigte Fettsäuren; long chain poly unsaturated fatty acids, **LCPUFA**, langkettige mehrfach ungesättigte Fettsäuren).

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder Schizochytrium oder aus Öl-produzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Algen wie Crypthecodinium oder Phaeodactylum und weiteren

- gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4^{Δ5,8,11,14}), Dihomo-γ-linolensäure (C20:3^{Δ8,11,14}) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5^{Δ7,10,13,16,19}) lassen sich nicht aus Ölfruchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.
- 10 Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten ω-3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch
- 15 Zugabe dieser ω-3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider Arthritis lassen sich durch ω-3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln
- 20 zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung. ω-6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.
- ω-3- und ω-6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo-γ-linolensäure, der
- 25 Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG₂-Serie), die aus ω-6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG₃-Serie) aus ω-3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.
- 30 Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ-9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine
- 35 Δ-15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ-12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144–20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200–203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649–659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der ver-
- 40 verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141–12147, Wang et al., Plant

- Physiol. Biochem., 26, 1988: 777–792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf Enzymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird. Δ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US 5,614,393, 5 WO 96/21022, WO 00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO 98/46763, WO 98/46764, WO 98/46765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO 99/64616 oder WO 98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben 10 lediglich geringe Gehalte an ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B. γ -Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel ein Gemisch aus ω -3- und ω -6-Fettsäuren erhalten.
- 15 Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Mikroalgen wie *Phaeodactylum tricornutum*, *Porphidium*-Arten, *Thraustochytrien*-Arten, *Schizochytrien*-Arten oder *Cryptocodinium*-Arten, Ciliaten, wie *Stylonychia* oder *Colpidium*, Pilze, wie *Mortierella*, *Entomophthora* oder *Mucor* und/oder Moosen wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* und *Marchantia* (R. Vazhappilly & F. 20 Chen (1998) *Botanica Marina* 41: 553-558; K. Totani & K. Oba (1987) *Lipids* 22: 1060-1062; M. Akimoto et al. (1998) *Appl. Biochemistry and Biotechnology* 73: 269-278).. Durch Stammselektion ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit 25 verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen. 30

- Die Biosynthese von LCPUFAs und der Einbau von LCPUFAs in Membranen oder Triacylglyceride erfolgt über verschiedene Stoffwechselwege (A. Abbadi et al. (2001) *European Journal of Lipid Science & Technology* 103:106-113). In Bakterien wie 35 *Vibrio* und Mikroalgen wie *Schizochytrium* wird Malonyl-CoA über eine LCPUFA-produzierende Polyketidsynthase zu LCPUFAs umgesetzt (J.G. Metz et al. (2001) *Science* 293: 290-293; WO 00/42195; WO 98/27203; WO 98/55625). In Mikroalgen wie *Phaeodactylum* und Moosen wie *Physcomitrella* werden ungesättigte Fettsäuren wie Linolsäure oder Linolensäure in Form ihrer Acyl-CoAs in mehreren Desaturierungs- und Elongationsschritten zu LCPUFAs umgesetzt (T.K. Zank et al. (2000) *Biochemical Society Transactions* 28: 654-658). Bei Säugetieren beinhaltet die Biosynthese von 40 DHA zusätzlich zu Desaturierungs- und Elongationsschritten eine Kettenverkürzung über beta-Oxidation.

- LCPUFAs liegen in Mikroorganismen und niederen Pflanzen entweder ausschließlich in Form von Membranlipiden vor, wie bei *Physcomitrella* und *Phaeodactylum*, oder sie sind in Membranlipiden und Triacylglyceriden vorhanden, wie bei *Schizochytrium* und *Mortierella*. Der Einbau von LCPUFAs in Lipide und Öle wird durch verschiedene Acyltransferasen und Transacylasen katalysiert. Diese Enzyme sind bereits bekannt für den Einbau von gesättigten und ungesättigten Fettsäuren [A.R. Slabas (2001) *J. Plant Physiology* 158: 505-513; M. Frentzen (1998) *Fett/Lipid* 100: 161-166]; S. Cases et al. (1998) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 95: 13018-13023]. Bei den Acyltransferasen handelt sich um Enzyme des sogenannten Kennedy-Pathways, die an der cytoplasmatischen Seite des Membransystems des Endoplasmatischen Reticulums, nachfolgend als 'ER' bezeichnet, lokalisiert sind. Experimentell können Membranen des ER als sogenannte 'mikrosomale Fraktionen' aus verschiedenen Organismen isoliert werden [D.S. Knutzon et al. (1995) *Plant Physiology* 109: 999-1006; S. Mishra & Y. Kamisaka (2001) *Biochemistry* 355: 315-322; US 5968791]. Diese ER-gebundenen Acyltransferasen in der mikrosomalen Fraktion verwenden Acyl-CoA als aktivierte Form der Fettsäuren. Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, im folgenden GPAT genannt, katalysiert den Einbau von Acylgruppen an der sn-1 Position von Glycerin-3-phosphat. 1-Acylglycerin-3-phosphat Acyltransferase (E.C. 2.3.1.51), auch Lysophosphatidsäure Acyltransferase, im folgenden LPAAT genannt, katalysiert den Einbau von Acylgruppen an der sn-2 Position von Lysophosphatidsäure, nachfolgend als LPA abgekürzt. Nach Dephosphorylierung von Phosphatidsäure durch Phosphatidsäure Phosphatase katalysiert Diacylglycerin Acyltransferase, im folgenden DAGAT genannt, den Einbau von Acylgruppen an der sn-3 Position von Diacylglycerins. Neben diesen Kennedy Pathway Enzymen sind weitere Enzyme am Einbau von Fettsäuren in Triacylglyceride beteiligt, die Acylgruppen aus Membranlipiden in Triacylglyceride einbauen können. Phospholipid Diacylglycerin Acyltransferase, nachfolgend PDAT genannt und Lysophosphatidylcholin Acyltransferase, nachfolgend LPCAT genannt. Auch andere Enzyme wie Lecithin Cholesterin Acyltransferase (LCAT) können am Transfer von Acylgruppen aus Membranlipiden in Triacylglyceride beteiligt sein.
- In WO 98/54302 wird von Tjoelker et al. eine humane Lysophosphatidsäure Acyltransferase offenbart sowie ihre mögliche Verwendung zur Therapie von Krankheiten, als diagnostisches Agens sowie eine Methode zur Identifizierung von Modulatoren der humanen LPAAT. Von Leung et al. werden in WO 98/54303 Säuger Lysophosphatidsäure Acyltransferasen beschrieben. Weiterhin offenbaren Leung et al. ein Verfahren zum Screening von pharmazeutischen Verbindungen für die Anwendung beispielsweise bei der Behandlung von Entzündungen.

Weiterhin sind in der Literatur und Patenten eine Vielzahl von Acyltransferasen mit den verschiedensten enzymatischen Funktionen beschrieben worden, so werden z.B. in WO 98/55632 und WO 93/10241 Fettsäure-Alkohol-Acyltransferasen beschrieben, die an der Wachssynthese beteiligt sind. In WO 98/55631 wird eine DAGAT (Diacylglycerin Acyltransferase) aus *Mortierella ramanniana* beschrieben sowie eine aus *Jojoba* stammende Wachssynthase, die auch DAGAT-Aktivität hat. Slabas et al. (WO 94/13814) offenbart eine membrangebundene sn2-spezifische Acyltransferase,

die eine andere Selektivität beim Einbau von einfach ungesättigter Erukasäure für die sn2-Position hat und so in Raps eine erhöhte Ausbeute an Erukasäure ermöglicht. In WO 96/24674 wird ein entsprechendes Enzym bzw. Gen aus *Limnanthes douglasii* beschrieben. Davies et al. beschreiben in WO 95/27791 LPAATs, die spezifisch für mittellange Fettsäuren sind und diese in die sn2-Position von Triglyceriden einbauen. Weitere neue pflanzliche Acyltransferasesequenzen, die über Homologievergleiche mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken gefunden wurden, werden von Lassner et al. (WO 00/18889) beschrieben. Angaben über die spezifische Funktion dieser Acyltransferasesequenzen oder biochemische Daten zu den entsprechenden Enzymen sind WO 00/18889 nicht zu entnehmen.

Die enzymatische Aktivität einer LPCAT wurde erstmals in Ratten beschrieben [Land (1960) *Journal of Biological Chemistry* 235: 2233-2237]. In Pflanzen existiert eine plastidäre Isoform der LPCAT [Akermoun et al. (2000) *Biochemical Society Transactions* 28: 713-715] sowie eine ER gebundene Isoform [Tumaney und Rajasekharan (1999) *Biochimica et Biophysica Acta* 1439: 47-56; Fraser und Stobart, *Biochemical Society Transactions* (2000) 28: 715-7718]. LPCAT ist in Tieren wie auch in Pflanzen an der Biosynthese und der Transacylierung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren beteiligt [Stymne und Stobart (1984) *Biochem. J.* 223: 305-314; Stymne und Stobart (1987) in 'The Biochemistry of Plants: a Comprehensive Treatise', Vol. 9 (Stumpf, P.K. ed.) pp. 175-214, Academic Press, New York]. Eine wichtige Funktion der LPCAT oder allgemeiner gesagt einer Acyl-CoA:Lysophospholipid Acyltransferase, nachfolgend LPLAT genannt, bei der ATP-unabhängigen Synthese von Acyl-CoA aus Phospholipiden wurde von Yamashita et al. (2001; *Journal of Biological Chemistry* 276: 26745-26752) beschrieben.

Trotz vieler biochemischer Daten konnten bisher keine Gene kodierend für LPCAT identifiziert werden. Gene anderer verschiedener pflanzlicher Acyltransferasen konnten isoliert werden und werden in WO 00/18889 (Novel Plant Acyltransferases) beschrieben.

Höhere Pflanzen enthalten mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Linolsäure (C18:2) und Linolensäure (C18:3). ARA, EPA und DHA kommen im Samenöl höherer Pflanzen gar nicht oder nur in Spuren vor (E. Ucciani: *Nouveau Dictionnaire des Huiles Végétales. Technique & Documentation* – Lavoisier, 1995. ISBN: 2-7430-0009-0). Es ist vorteilhaft, in höheren Pflanzen, bevorzugt in Ölsaaten wie Raps, Lein, Sonnenblume und Soja, LCPUFAs herzustellen, da auf diese Weise große Mengen qualitativ hochwertiger LCPUFAs für die Lebensmittelindustrie, die Tierernährung und für pharmazeutische Zwecke kostengünstig gewonnen werden können. Hierzu werden vorteilhaft über gentechnische Methoden Gene kodierend für Enzyme der Biosynthese von LCPUFAs in Ölsaaten eingeführt und exprimiert werden. Dies sind Gene kodierend für Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase und Δ -4-Desaturase. Diese Gene können vorteilhaft aus Mikroorganismen und niederen Pflanzen isoliert werden, die LCPUFAs herstellen und in den Membranen oder Triacylglyceriden

einbauen. So konnten bereits Δ -6-Desaturase-Gene aus dem Moos *Physcomitrella patens* und Δ -6-Elongase-Gene aus *P. patens* und dem Nematoden *C. elegans* isoliert.

- Transgene Pflanzen, die Gene kodierend für Enzyme der LCPUFA-Biosynthese exprimieren, sind geeignet, geringe Mengen dieser LCPUFAs zu produzieren, allerdings besteht die Gefahr, dass diese nicht in Triacylglyceride, sondern in Membranen eingebaut werden, weil die endogenen Acyltransferasen und Transacylasen LCPUFAs eventuell nicht als Substrat erkennen und folglich nicht in Triacylglyceride einbauen. Dies ist aus folgenden Gründen unerwünscht: (i) der Hauptlipidanteil in Ölsaaten sind Triacylglyceride. Daher ist es aus wirtschaftlicher Sicht notwendig, LCPUFAs in Triacylglyceriden anzureichern. In Membranen eingebaute LCPUFAs können die physikalischen Eigenschaften der Membranen verändern und so schädliche Wirkungen auf die Integrität und Transporteigenschaften der Membranen sowie die Stresstoleranz von Pflanzen haben.
- Erste transgene Pflanzen, die Gene kodierend für Enzyme der LCPUFA-Biosynthese enthalten und exprimieren und LCPUFAs produzieren wurden beispielsweise in DE 102 19 203 (Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen) erstmals beschrieben. Diese Pflanzen produzieren allerdings LCPUFAs in Mengen, die für eine Aufarbeitung der in den Pflanzen enthaltenen Öle noch weiter optimiert werden müssen.
- Um eine Anreicherung der Nahrung und des Futters mit diesen mehrfach ungesättigten Fettsäuren zu ermöglichen, besteht daher ein großer Bedarf an einem einfachen, kostengünstigen Verfahren zur Herstellung dieser mehrfach ungesättigten Fettsäuren speziell in eukaryontischen Systemen.
- Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus vorteilhaft in einem eukaryontischen Organismus bevorzugt in einer Pflanze zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in einem Organismus gelöst, dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:
- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
 - b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität codiert; oder

- c) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 5 d) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 10 e) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lässt, oder
- 15 f) Einbringen mindestens eines Derivates der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 aufweisen und eine äquivalente Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität aufweisen, und
- 25
- 30
- g) kultivieren und ernten des Organismus.

Vorteilhaft enthalten die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens zwei vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders vorteilhaft enthalten die Fettsäuren vier oder fünf Doppelbindungen. Im Verfahren hergestellte Fettsäuren haben vorteilhaft 18-, 20-, 22- oder 24 C-Atome in der Fettsäurekette, bevorzugt enthalten die Fettsäuren 20, 22 oder 24 Kohlenstoffatome in der Fettsäurekette. Vorteilhaft werden gesättigte Fettsäuren mit den im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren wenig oder gar nicht umgesetzt. Unter wenig ist zu verstehen, das im Vergleich zu mehrfach ungesättigten Fettsäuren die gesättigten Fettsäuren mit weniger als 5 % der Aktivität, vorteilhaft weniger als 3 %, 35

40

besonders vorteilhaft mit weniger als 2 % umgesetzt werden. Diese hergestellten Fettsäuren können als einziges Produkt im Verfahren hergestellt werden oder in einem Fettsäuregemisch vorliegen.

5 Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Lyso-phosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren.

10 Die im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind vorteilhaft in Membranlipiden und/oder Triacylglyceriden gebunden, können aber auch als freie Fettsäuren oder aber gebunden in Form anderer Fettsäureester in den Organismen vorkommen. Dabei können sie wie gesagt als "Reinprodukte" oder aber vorteilhaft in Form von Mischungen verschiedener Fettsäuren oder Mischungen unterschiedlicher Glyceride vorliegen. Dabei lassen sich die in den Triacylglyceriden gebundenen
15 verschiedenen Fettsäuren von kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren besonders bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren LCPUFAs von C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- und/oder C₂₄-Fettsäuren.

20 Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- und/oder C₂₄-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von Hexadecadiensäure (C₁₆:2^{Δ^{9,12}}), γ-Linolensäure (= GLA, C₁₈:3^{Δ^{6,9,12}}), Stearidonsäure (= SDA, C₁₈:4^{Δ^{6,9,12,15}}), Dihomo-γ-Linolensäure (= DGLA, C₂₀:3^{Δ^{8,11,14}}), Eicosatetraensäure (= ETA, C₂₀:4^{Δ^{5,8,11,14}}), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.

30 Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀-, C₂₂-, und/oder C₂₄-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie
35 die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden, vorteilhaft werden sie in der Form ihrer Diacylglyceride, Triacylglyceride und/oder in Form des Phosphatidylcholin isoliert, besonders bevorzugt in der Form der Triacylglyceride. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder
40 gebunden in anderen Verbindungen in den Organismen vorteilhaft den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäure-

ester und frei Fettsäuren) in den Organismen in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.

- 5 Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die hergestellten LCPUFAs mit einem Gehalt von mindestens 3 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 5 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 8 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt von mindestens 15 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Organismen vorteilhaft in einer transgenen Pflanze hergestellt. Vorteilhaft werden die Fettsäuren in gebundener Form hergestellt. Mit Hilfe der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren lassen sich diese ungesättigten Fettsäuren an sn1-, sn2- und/oder sn3-Position der vorteilhaft hergestellten Triglyceride bringen. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Hexadecadiensäure (C16:2), Linolsäure (C18:2) bzw. Linolensäure (C18:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als absolute Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in dem Ausgangsorganismus bzw. in der Ausgangspflanze beispielsweise sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren hergestellt. Werden beide Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:2 (EPA:ARA), vorteilhaft von mindestens 1:3, bevorzugt von 1:4, besonders bevorzugt von 1:5 hergestellt.

- 30 Durch die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen kann eine Steigerung der Ausbeute an mehrfach ungesättigten Fettsäuren von mindestens 50 %, vorteilhaft von mindestens 80 %, besonders vorteilhaft von mindestens 100 %, ganz besonders vorteilhaft von mindestens 150 % gegenüber den nicht transgenen Ausgangsorganismus beim Vergleich in der GC-Analyse siehe Beispiele erreicht werden. In einer weiteren vorteilhaften Ausführungsform kann die Ausbeute an mehrfach ungesättigten Fettsäuren um mindestens 200 %, bevorzugt um mindestens 250 %, ganz besonders bevorzugt um mindestens 300 % gesteigert werden.

- 40 Auch chemisch reine mehrfach ungesättigte Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind nach den vorbeschriebenen Verfahren darstellbar. Dazu werden die Fettsäuren oder die Fettsäurezusammensetzungen aus dem Organismus wie den Mikroorganismen oder den Pflanzen oder dem Kulturmedium, in dem oder auf dem die Organismen angezogen wurden, oder aus dem Organismus und dem Kulturmedium in bekannter Weise beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation,

Chromatographie oder Kombinationen dieser Methoden isoliert. Diese chemisch reinen Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind für Anwendungen im Bereich der Lebensmittelindustrie, der Kosmetikindustrie und besonders der Pharmaindustrie vorteilhaft.

- 5 Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Organismen wie Mikroorganismen, nicht-humane Tiere oder Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren transgene Organismen wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Moose wie *Physcomitrella* oder *Ceratodon*, nicht-humane Tiere wie
- 10 *Caenorhabditis*, Algen wie *Cryptocodium* oder *Phaeodactylum* oder Pflanzen wie zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen verwendet. Besonders vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Ölproduzierenden Organismen gehören, das heißt die für die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Algen wie *Cryptocodium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rizinus, Olive, Sesam, Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume
- 20 (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, Distel oder Färberdistel. Ganz
- 25 besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

- 30 Für das erfindungsgemäße beschriebene Verfahren ist es vorteilhaft in den Organismus zusätzlich zu den unter Verfahrensschritt (a) bis (f) eingebrachten Nukleinsäuren zusätzlich weitere Nukleinsäuren einzubringen, die für Enzyme des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren.

- Im Prinzip können alle Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels vorteilhaft in Kombination mit der erfinderischen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase im Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren verwendet werden vorteilhaft werden Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der
- 40 Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-

Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) in Kombination mit der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase verwendet. Besonders bevorzugt werden

5 Gene ausgewählt aus der Gruppe der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -9-Desaturasen, Δ -5-Elongasen, Δ -6-Elongasen oder Δ -9-Elongasen in Kombination mit den vorgenannten Genen für die Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase verwendet, wobei einzelne Gene oder mehrere Gene

10 in Kombination verwendet werden können.

Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin

15 Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren, vorteilhaft in Kombination mit Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität, der Δ -4-, Δ -5-, Δ -6-, Δ -8-Desaturase- oder Δ -5-, Δ -6- oder Δ -9-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedlichste mehrfach ungesättigte Fettsäuren im erfindungsgemäßen Verfahren

20 hergestellt werden. Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Organismen wie den vorteilhaften Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen mehrfach ungesättigten Fettsäuren oder einzelne mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder

25 C18:3-Fettsäuren) entstehen so Fettsäuren, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2 ^{Δ 9,12}) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen

30 können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α -Linolensäure (= ALA, C18:3 ^{Δ 9,12,15}) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese beteiligten Enzyme Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-

35 3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase vorteilhaft in Kombination mit der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -5-, Δ -6-Desaturase und/oder Δ -6-Elongase, oder der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -5-, Δ -8-Desaturase und/oder Δ -9-Elongase oder in Kombination mit nur den ersten drei Gene Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase,

40 Δ -6-Desaturase und/oder Δ -6-Elongase oder Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -8-Desaturase und/oder Δ -9-Elongase der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Organismen vorteilhaft in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen. Durch die Aktivität der Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase entstehen beispielsweise GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangs-

pflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ -5-Desaturase zusätzlich in die Organismen vorteilhaft in die Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Dies gilt auch für Organismen in die vorher die Δ -8-Desaturase und Δ -9-Elongase eingebracht wurde.

5 Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in im Organismus bzw. in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Organismen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten.

10 Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.

15 Zur Steigerung der Ausbeute im beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triglyceriden mit einem vorteilhaft erhöhten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist es vorteilhaft die Menge an Ausgangsprodukt für die Fettsäuresynthese zu steigern, dies kann beispielsweise durch das Einbringen einer Nukleinsäure in den Organismus, die für ein Polypeptid mit Δ -12-Desaturase codiert, erreicht werden. Dies ist besonders vorteilhaft in Öl-produzierenden Organismen wie Raps,

20 die einen hohen Ölsäuregehalt aufweisen. Da diese Organismen nur einen geringen Gehalt an Linolsäure aufweisen (Mikoklajczak et al., Journal of the American Oil Chemical Society, 38, 1961, 678 - 681) ist die Verwendung der genannten Δ -12-Desaturasen zur Herstellung des Ausgangsprodukts Linolsäure vorteilhaft.

25 Im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren stammen vorteilhaft aus Pflanzen wie Algen wie Isochrysis oder Cryptocodinium, Algen/Diatomeen wie Phaeodactylum, Moose wie Physcomitrella oder Ceratodon oder höheren Pflanzen wie den Primulaceae wie Aleuritia, Calendula stellata, Osteospermum spinescens oder Osteospermum hyoseroides, Mikroorganismen wie Pilzen wie Aspergillus, Thraustochytrium, Phytophthora, Entomophthora, Mucor oder Mortierella, Bakterien wie Shewanella, Hefen

30 oder Tieren wie Nematoden wie Caenorhabditis, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft stammen die Nukleinsäuren aus Pilzen, Tieren oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Nematoden wie Caenorhabditis.

Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch

35 die enzymatische Aktivität der durch Nukleinsäuresequenzen codierten Proteine besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination mit den für die Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase codierenden Nukleinsäuresequenzen in Expressionskonstrukte cloniert und zum Einbringen und zur

40 Expression in Organismen verwendet. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen durch ihre Konstruktion eine vorteilhafte optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren.

Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle oder eines ganzen Organismus, der die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen enthält, wobei die Zelle und/oder der Organismus mit einer erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz, die für die Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase codiert, einem Genkonstrukt oder einem Vektor wie nachfolgend beschrieben, allein oder in Kombination mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine des Fettsäure- oder Lipidsstoffwechsels codieren, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Bei der Kultur kann es sich beispielsweise um eine Fermentationskultur beispielsweise im Falle der Kultivierung von Mikroorganismen wie z.B. *Mortierella*, *Saccharomyces* oder *Traustochytrium* oder um eine Treibhaus oder Feldkultur einer Pflanze handeln. Die so hergestellte Zelle oder der so hergestellte Organismus ist vorteilhaft eine Zelle eines Öl-produzierenden Organismus wie einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Hanf, Erdnuss, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung im Falle von Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf oder in einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur, Blumentopferde oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

"Transgen" bzw. "Rekombinant" im Sinne der Erfindung bedeutet bezüglich zum Beispiel einer Nukleinsäuresequenz, einer Expressionskassette (= Genkonstrukt) oder einem Vektor enthaltend die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz oder einem Organismus transformiert mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Expressionskassette oder Vektor alle solche durch gentechnische Methoden zustandegewonnenen Konstruktionen, in denen sich entweder

- a) die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz, oder
- b) eine mit der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz funktionell verknüpfte genetische Kontrollsequenz, zum Beispiel ein Promotor, oder
- c) (a) und (b)

sich nicht in ihrer natürlichen, genetischen Umgebung befinden oder durch gentechnische Methoden modifiziert wurden, wobei die Modifikation beispielhaft eine Substitution, Addition, Deletion, Inversion oder Insertion eines oder mehrerer Nukleotide sein kann. Natürliche genetische Umgebung meint den natürlichen genomischen bzw. chromosomalen Locus in dem Herkunftsorganismus oder das Vorliegen in einer genomischen Bibliothek. Im Fall einer genomischen Bibliothek ist die natürliche, genetische Umgebung der Nukleinsäuresequenz bevorzugt zumindest noch teilweise erhalten. Die Umgebung flankiert die Nukleinsäuresequenz zumindest an einer Seite und hat eine Sequenzlänge von mindestens 50 bp, bevorzugt mindestens 500 bp,

besonders bevorzugt mindestens 1000 bp, ganz besonders bevorzugt mindestens 5000 bp. Eine natürlich vorkommende Expressionskassette - beispielsweise die natürlich vorkommende Kombination des natürlichen Promotors der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen mit den entsprechenden Lysophosphatidsäure

- 5 Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Genen - wird zu einer transgenen Expressionskassette, wenn diese durch nicht-natürliche, synthetische ("künstliche") Verfahren wie beispielsweise einer Mutagenisierung geändert wird. Entsprechende Verfahren sind beispielsweise beschrieben in US 5,565,350 oder WO 00/15815.

- 10 Unter transgenen Organismus bzw. transgener Pflanze im Sinne der Erfindung ist wie vorgenannt zu verstehen, dass die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden. Transgen bedeutet aber auch wie genannt, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im
- 15 Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder dass die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt
- 20 vor. Bevorzugte transgene Organismen sind Pilze wie *Mortierella*, Moose wie *Physcomitrella*, Algen wie *Cryptocodium* oder Pflanzen wie die Ölfuchtpflanzen.

Als Organismen bzw. Wirtsorganismen für die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die Expressionskassette oder den Vektor eignen sich prinzipiell vorteilhaft alle Organismen, die in der Lage sind Fettsäuren speziell ungesättigte Fettsäuren zu synthetisieren bzw. für die Expression rekombinanter Gene

25 geeignet sind. Beispielsweise seien Pflanzen wie *Arabidopsis*, *Asteraceae* wie *Calendula* oder Kulturpflanzen wie Soja, Erdnuss, Rizinus, Sonnenblume, Mais, Baumwolle, Flachs, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, Färbersafflor (*Carthamus tinctorius*) oder Kakaobohne, Mikroorganismen wie Pilze beispielsweise die Gattung *Mortierella*, *Thraustochytrium*, *Saprolegnia* oder *Pythium*, Bakterien wie die Gattung *Escherichia* oder *Shewanella*, Hefen wie die Gattung *Saccharomyces*, Cyanobakterien, Ciliaten, Algen

30 oder Protozoen wie Dinoflagellaten wie *Cryptocodium* genannt. Bevorzugt werden Organismen, die natürlicherweise Öle in größeren Mengen synthetisieren können wie Pilze wie *Mortierella alpina*, *Pythium insidiosum* oder Pflanzen wie Soja, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, Färbersafflor, Flachs, Hanf, Rizinus, *Calendula*, Erdnuss, Kakaobohne oder Sonnenblume oder Hefen wie *Saccharomyces cerevisiae*, besonders bevorzugt werden Soja, Flachs, Raps, Färbersafflor, Sonnenblume, *Calendula*, *Mortierella* oder *Saccharomyces cerevisiae*. Prinzipiell sind als Wirtsorganismen neben den vorgenannten transgenen Organismen auch transgene Tiere vorteilhaft nicht-humane Tiere

35 geeignet beispielsweise *C. elegans*.

40

Nutzbare Wirtszellen sind weiterhin genannt in: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Verwendbare Expressionsstämme z.B. solche, die eine geringere Proteaseaktivität aufweisen sind beschrieben in: Gottesman, S., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128.

- Hierzu gehören Pflanzenzellen und bestimmte Gewebe, Organe und Teile von
- 5 Pflanzen in all ihren Erscheinungsformen, wie Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotelydonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe, reproduktives Gewebe und Zellkulturen, das von der eigentlichen transgenen Pflanze abgeleitet ist und/oder dazu verwendet werden kann, die transgene Pflanze hervorzu-
bringen.
- 10 Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren enthalten, können vorteilhaft direkt vermarktet werden ohne dass, die synthetisierten Öle, Lipide oder Fettsäuren isoliert werden müssen. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind ganze Pflanzen sowie alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane oder Pflanzenteile wie Blatt, Stiel, Samen, Wurzel,
- 15 Knollen, Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotelydonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe, reproduktives Gewebe, Zellkulturen, die sich von der transgenen Pflanze abgeleiten und/oder dazu verwendet werden können, die transgene Pflanze hervorzubringen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder
- 20 Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Organismen vorteilhaft Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte mehrfach ungesättigten Fettsäuren lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder
- 25 Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können
- 30 anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Im Falle von Mikroorganismen werden diese nach Ernte beispielsweise direkt ohne weitere Arbeitsschritte extrahiert oder aber nach Aufschluss über verschiedene dem Fachmann bekannte Methoden extrahiert. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren her-
- 35 gestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst beispielsweise die Pflanzenschleime und Trübstoffe entfernt. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behand-
- 40 lung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unter-

zogen. Zum Schluss wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs bzw. LCPUFAs C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

- 5 Eine Ausführungsform der Erfindung sind deshalb Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

- 15 Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids, der Fettsäuren und/oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

- 20 Unter dem Begriff "Öl", "Lipid" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl, Lipid oder Fett einen hohen Anteil an mehrfach ungesättigten freien oder vorteilhaft veresterten Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure, γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, α -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 25 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in die Methylester durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl, Lipid oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Palmitolein-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangsorganismus der Anteil der verschiedenen 30 Fettsäuren in dem Öl oder Fett schwanken.

Bei den im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich wie oben beschrieben beispielsweise um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

- 35 Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens zwei Doppelbindungen lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische 40 Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und an-

schließender Ansäuerung über z.B. H_2SO_4 . Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen Expression in die Organismen vorteilhaft zur multiparallelen samen-spezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

Als Substrate der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren, und/oder den weiteren verwendeten Nukleinsäuren wie den Nukleinsäuren, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenase(n), Lipoxygenase(n), Triacylglycerol-Lipase(n), Allenoxid-Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n) codieren eignen sich vorteilhaft C_{16} -, C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Fettsäuren. Bevorzugt werden die im Verfahren als Substrate umgesetzten Fettsäuren in Form ihrer Acyl-CoA-Ester umgesetzt.

Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen die mehrfach ungesättigten C₁₆- oder C₁₈-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C₁₈- oder C₂₀-Fettsäuren, und nach zwei oder drei Elongationsrunden zu C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- und/oder C₂₄-Fettsäuren vorteilhaft mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z.B. eine solche in Δ-5-Position erfolgen. Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Dihomo-γ-linolensäure, Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure und/oder Docosahexaensäure. Die C₁₈-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

Der bevorzugte Biosyntheseort von Fettsäuren, Ölen, Lipiden oder Fette in den vorteilhaft verwendeten Pflanzen ist beispielsweise im allgemeinen der Samen oder Zellschichten des Samens, so dass eine samenspezifische Expression der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren sinnvoll ist. Es ist jedoch naheliegend, dass die Biosynthese von Fettsäuren, Ölen oder Lipiden nicht auf das Samengewebe beschränkt sein muss, sondern auch in allen übrigen Teilen der Pflanze - beispielsweise in Epidermiszellen oder in den Knollen - gewebespezifisch erfolgen kann.

Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismus wie Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Pilze wie *Mortierella*, *Aspergillus*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Thraustochytrium* Algen wie *Isochrysis*, *Phaeodactylum* oder *Cryptocodinium* verwendet, so werden diese Organismen vorteilhaft fermentativ angezogen.

Durch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, die für eine Lyso-phosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase codieren, können im Verfahren die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens um 5 % , bevorzugt mindestens um 10 % , besonders bevorzugt mindestens um 20 % , ganz besonders bevorzugt um mindestens 50 % gegenüber dem Wildtyp der Organismen, die die Nukleinsäuren nicht rekombinant enthalten, erhöht werden.

Durch das erfindungsgemäße Verfahren können die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den im Verfahren verwendeten Organismen prinzipiell auf zwei

Arten erhöht werden. Es kann vorteilhaft der Pool an freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren und/oder der Anteil der über das Verfahren hergestellten veresterten mehrfach ungesättigten Fettsäuren erhöht werden. Vorteilhaft wird durch das erfindungsgemäße Verfahren der Pool an veresterten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den transgenen Organismen erhöht.

Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismen verwendet, so werden sie je nach Wirtsorganismus in dem Fachmann bekannter Weise angezogen bzw. gezüchtet. Mikroorganismen werden in der Regel in einem flüssigen Medium, das eine Kohlenstoffquelle meist in Form von Zuckern, eine Stickstoffquelle meist in Form von organischen Stickstoffquellen wie Hefeextrakt oder Salzen wie Ammoniumsulfat, Spurenelemente wie Eisen-, Mangan-, Magnesiumsalze und gegebenenfalls Vitamine enthält, bei Temperaturen zwischen 0 und 100°C, bevorzugt zwischen 10 bis 60°C unter Sauerstoffbegasung angezogen. Dabei kann der pH der Nährflüssigkeit auf einen festen Wert gehalten werden, das heißt während der Anzucht reguliert werden oder nicht. Die Anzucht kann batch wise, semi batch wise oder kontinuierlich erfolgen. Nährstoffe können zu Beginn der Fermentation vorgelegt oder semikontinuierlich oder kontinuierlich nachgefüttert werden. Die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren können nach dem Fachmann bekannten Verfahren wie oben beschrieben aus den Organismen isoliert werden. Beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation, ggf. Salzfällung und/oder Chromatographie. Die Organismen können dazu vorher noch vorteilhaft aufgeschlossen werden.

Das erfindungsgemäße Verfahren wird, wenn es sich bei den Wirtsorganismen um Mikroorganismen handelt, vorteilhaft bei einer Temperatur zwischen 0°C bis 95°C, bevorzugt zwischen 10°C bis 85°C, besonders bevorzugt zwischen 15°C bis 75°C, ganz besonders bevorzugt zwischen 15°C bis 45°C durchgeführt

Der pH-Wert wird dabei vorteilhaft zwischen pH 4 und 12, bevorzugt zwischen pH 6 und 9, besonders bevorzugt zwischen pH 7 und 8 gehalten.

Das erfindungsgemäße Verfahren kann batchweise, semi-batchweise oder kontinuierlich betrieben werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) zu finden.

Das zu verwendende Kulturmedium hat in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme zu genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods für General Bacteriology" der American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Medien umfassen wie oben beschrieben gewöhnlich eine oder mehrere Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganische Salze, Vitamine und/oder Spurenelemente.

Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind beispielsweise Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere mögliche Kohlenstoffquellen sind Öle und Fette wie z.B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und/oder Kokosfett, Fettsäuren wie z.B. Palmitinsäure, Stearinsäure und/oder Linolsäure, Alkohole und/oder Polyalkohole wie z.B. Glycerin, Methanol und/oder Ethanol und/oder organische Säuren wie z.B. Essigsäure und/oder Milchsäure.

Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak in flüssiger Form oder Gasform oder Ammoniumsalze, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat oder Ammoniumnitrat, Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie Maisquellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlorid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen.

Als Schwefelquelle für die Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere von Methionin, können anorganische schwefelhaltige Verbindungen wie beispielsweise Sulfate, Sulfite, Dithionite, Tetrathionate, Thiosulfate, Sulfide aber auch organische Schwefelverbindungen, wie Mercaptane und Thiole, verwendet werden.

Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure.

Die erfindungsgemäß zur Kultivierung von Mikroorganismen eingesetzten Fermentationsmedien enthalten üblicherweise auch andere Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen beispielsweise Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothensäure und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt, Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezi-

- fischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie
- 5 Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) und dergleichen.

- Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich
- 10 oder chargenweise hinzugegeben werden.

- Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise zwischen 15°C und 45°C, vorzugsweise bei 25°C bis 40°C und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen. Der pH-Wert für die Anzucht lässt sich während der Anzucht
- 15 durch Zugabe von basischen Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder sauren Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure kontrollieren. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester, eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv
- 20 wirkende Stoffe, wie z.B. Antibiotika, hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen, wie z.B. Umgebungsluft, in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat.
- 25 Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die so erhaltenen, insbesondere mehrfach ungesättigte Fettsäuren enthaltenden, Fermentationsbrühen haben üblicherweise eine Trockenmasse von 7,5 bis 25 Gew.-%.

- Die Fermentationsbrühe kann anschließend weiterverarbeitet werden. Je nach Anforderung kann die Biomasse ganz oder teilweise durch Separationsmethoden, wie
- 30 z.B. Zentrifugation, Filtration, Dekantieren oder einer Kombination dieser Methoden aus der Fermentationsbrühe entfernt oder vollständig in ihr belassen werden. Vorteilhaft wird die Biomasse nach Abtrennung aufgearbeitet.

- Die Fermentationsbrühe kann aber auch ohne Zellabtrennung mit bekannten Methoden, wie z.B. mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, oder durch Nanofiltration, eingedickt beziehungsweise aufkonzentriert werden. Diese aufkonzentrierte Fermentationsbrühe kann schließlich zur Gewinnung der darin enthaltenen Fettsäuren aufgearbeitet werden.
- 35

Die im Verfahren gewonnenen Fettsäuren eignen sich auch als Ausgangsmaterial für die chemische Synthese von weiteren Wertprodukten. Sie können beispielsweise in

Kombination miteinander oder allein zur Herstellung von Pharmaka, Nahrungsmittel, Tierfutter oder Kosmetika verwendet werden.

Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen spezifisch C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren mit mindestens einer Doppelbindungen im Fettsäuremolekül umsetzen und vorteilhaft letztlich in Diacylglyceride und/oder Triacylglyceride einbauen.

Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder SEQ ID NO: 21 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder SEQ ID NO: 21 aufweisen und eine Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

Weitere vorteilhafte erfindungsgemäßen isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Sequenz,

- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 aufweisen und eine Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität aufweisen.
- 10 **Zusätzliche vorteilhafte erfindungsgemäßen isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:**
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Sequenz,
- 15 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 20 c) Derivate der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 aufweisen und eine Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.
- Eine weitere Gruppe vorteilhafter erfindungsgemäßer isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:**
- 25 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 30 c) Derivate der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 aufweisen und eine Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.
- 35 **Mit Hilfe dieser erfindungsgemäßen isolierten Nukleinsäuren lassen sich in LCPUFA-produzierende Organismen LCPUFAs an allen Positionen beispielsweise eines**

Triacylglycerins einbauen, wie die Positionsanalysen der Lipide von LCPUFA-produzierenden Organismen zeigten.

Die vorgenannten erfindungsgemäßen isolierten Nukleinsäuresequenzen lassen sich vorteilhaft mit den folgenden Nukleinsäuresequenzen kombinieren, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43 oder SEQ ID NO: 45 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43 oder SEQ ID NO: 45 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43 oder SEQ ID NO: 45 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44 oder SEQ ID NO: 46 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44 oder SEQ ID NO: 46 aufweisen und eine Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität aufweisen.

Vorteilhaft stammen alle die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen aus einem eukaryontischen Organismus.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine mit Lyso-phosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren oder für Proteine des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels vorteilhaft für Proteine mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -9-Desaturase-, Δ -12-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- oder Δ -9-Elongase-Aktivität, werden vorteilhaft allein oder bevorzugt in Kombination in einer Expressionskassette (= Nukleinsäurekonstrukt), die die Expression der Nukleinsäuren in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanze oder einem Mikroorganismus ermöglicht, eingebracht.

Zum Einbringen werden die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren vorteilhaft einer Amplifikation und Ligation in bekannter Weise unterworfen. Vorzugsweise geht man in Anlehnung an das Protokoll der Pfu-DNA-Polymerase oder eines Pfu/Taq-DNA-Polymerasegemisches vor. Die Primer werden in Anlehnung an die zu amplifizierende Sequenz gewählt. Zweckmäßigerweise sollten die Primer so gewählt werden, dass das Amplifikat die gesamte kodogene Sequenz vom Start- bis zum Stop-Kodon umfasst. Im Anschluss an die Amplifikation wird das Amplifikat zweckmäßigerweise analysiert. Beispielsweise kann die Analyse nach gelelektrophoretischer Auftrennung hinsichtlich Qualität und Quantität erfolgen. Im Anschluss kann das Amplifikat nach einem

Standardprotokoll gereinigt werden (z.B. Qiagen). Ein Aliquot des gereinigten Amplifikats steht dann für die nachfolgende Klonierung zur Verfügung. Geeignete Klonierungsvektoren sind dem Fachmann allgemein bekannt. Hierzu gehören insbesondere Vektoren, die in mikrobiellen Systemen replizierbar sind, also vor allem Vektoren, die eine effiziente Klonierung in Hefen oder Pilze gewährleisten, und die stabile Transformation von Pflanzen ermöglichen. Zu nennen sind insbesondere verschiedene für die T-DNA-vermittelte Transformation geeignete, binäre und co-integrierte Vektorsysteme. Derartige Vektorsysteme sind in der Regel dadurch gekennzeichnet, dass sie zumindest die für die Agrobakterium-vermittelte Transformation benötigten vir-Gene sowie die T-DNA begrenzenden Sequenzen (T-DNA-Border) beinhalten. Vorzugsweise umfassen diese Vektorsysteme auch weitere cis-regulatorische Regionen wie Promotoren und Terminatoren und/oder Selektionsmarker, mit denen entsprechend transformierte Organismen identifiziert werden können. Während bei co-integrierten Vektorsystemen vir-Gene und T-DNA-Sequenzen auf demselben Vektor angeordnet sind, basieren binäre Systeme auf wenigstens zwei Vektoren, von denen einer vir-Gene, aber keine T-DNA und ein zweiter T-DNA, jedoch kein vir-Gen trägt. Dadurch sind letztere Vektoren relativ klein, leicht zu manipulieren und sowohl in E.-coli als auch in Agrobacterium zu replizieren. Zu diesen binären Vektoren gehören Vektoren der Serien pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. Erfindungsgemäß bevorzugt verwendet werden Bin19, pBI101, pBinAR, pGPTV und pCambia. Eine Übersicht über binäre Vektoren und ihre Verwendung gibt Hellens et al, Trends in Plant Science (2000) 5, 446–451. Für die Vektorpräparation können die Vektoren zunächst mit Restriktionsendonuklease(n) linearisiert und dann in geeigneter Weise enzymatisch modifiziert werden. Im Anschluss wird der Vektor gereinigt und ein Aliquot für die Klonierung eingesetzt. Bei der Klonierung wird das enzymatisch geschnittenen und erforderlichenfalls gereinigten Amplifikat mit ähnlich präparierten Vektorfragmenten mit Einsatz von Ligase kloniert. Dabei kann ein bestimmtes Nukleinsäurekonstrukt bzw. Vektor- oder Plasmidkonstrukt einen oder auch mehrere kodogene Genabschnitte aufweisen. Vorzugsweise sind die kodogenen Genabschnitte in diesen Konstrukten mit regulatorischen Sequenzen funktional verknüpft. Zu den regulatorischen Sequenzen gehören insbesondere pflanzliche Sequenzen wie die oben beschriebenen Promotoren und Terminatoren. Die Konstrukte lassen sich vorteilhafterweise in Mikroorganismen, insbesondere Escherichia coli und Agrobacterium tumefaciens, unter selektiven Bedingungen stabil propagieren und ermöglichen einen Transfer von heterologer DNA in Pflanzen oder Mikroorganismen.

Unter der vorteilhaften Verwendung von Klonierungsvektoren können die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte in Organismen wie Mikroorganismen oder vorteilhaft Pflanzen eingebracht werden und damit bei der Pflanzentransformation verwendet werden, wie denjenigen, die veröffentlicht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jones et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utili-

zation, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)). Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren lassen sich damit zur gentechnologischen Veränderung eines breiten Spektrums an Organismen vorteilhaft an Pflanzen verwenden, so dass diese bessere und/oder effizientere Produzenten von PUFAs werden.

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungs-
emäßen Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-,
Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Proteins die
Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer
Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund eines veränderten Proteins
direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Lysophosphatidsäure Acyltrans-
ferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder
Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen
mit z.B. Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elon-
gasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen der produzierten Verbindungen
de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur
Biosynthese vor dem Einbringen des/der entsprechenden Gens/Gene fehlte. Ent-
sprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder
weiteren Enzymen aus dem Fettsäure- und Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung
verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen
kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression,
die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens
oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

Durch das Einbringen eines Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phos-
phat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase-, Lecithin Cholesterin Acyl-
transferase-, Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Desaturase- und/oder
Elongase-Gens oder mehrerer Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-
3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase-, Lecithin Cholesterin
Acyltransferase-, Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen-, Desaturase- und/oder
Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in
eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöht, sondern auch
die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöht oder de novo geschaffen
werden. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer Gene, die am Import von Nähr-
stoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z.B. Fettsäuren,
polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration
dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder
innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen
zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fett-
säuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung
der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Lysophosphatidsäure Acyl-
transferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase-,
Lecithin Cholesterin Acyltransferase-, Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-,

- Desaturase- und/oder Elongase-Gene, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Gene, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Organismen und vorteilhaft aus Pflanzen zu steigern.

- Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teile von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teile davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 ist, so dass das Protein oder der Teil davon eine aufweisen und eine äquivalente Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, noch seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen oder Lipidkörperchen in Organismen vorteilhaft in Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen noch hat. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 40 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.
- Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten erfindungsgemäßen Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenz mit SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 und deren Derivate codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren, Fettsäureester wie Diacylglyceride und/oder Triacylglyceride in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C18-, C20-, C22- oder C24-Kohlenstoffketten im

Fettsäuremolekül mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint sind.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Bakterien Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen *Shewanella*, *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Fusarium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Cryptocodinium* oder aus Nematoden wie *Caenorhabditis*, speziell aus den Gattungen und Arten *Shewanella hanedai*, *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Fusarium gramineum*, *Cryptocodinium cohnii*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Muscarioides vialii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum* oder besonders vorteilhaft aus *Caenorhabditis elegans*.

Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Lysophosphatid-säure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Organismen wie Mikroorganismen oder Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

Dabei werden die Nukleinsäuresequenzen, die für die erfinderischen Lysophosphatid-säure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen codieren sowie die Nukleinsäuresequenzen, die für die in Kombination verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, die Desaturasen und/oder die Elongasen codieren, mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und

der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. Die Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Gene sowie die vorteilhaft verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Δ -4-Desaturase-, Δ 5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase- und/oder Δ -8-Desaturase-Gene und/oder die Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- und/oder Δ -9-Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 oder dessen Derivate definiert sind und für Polypeptide gemäß SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 kodieren. Die genannten Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen führen dabei vorteilhaft zu einem Austausch bzw. Einbau der Fettsäuren zwischen dem Mono-, Di- und/oder Triglyceridpool der Zelle und dem CoA-Fettsäureester-Pool, wobei das

Substrat vorteilhaft ein, zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen aufweist und vorteilhaft 18, 20, 22 oder 24 Kohlenstoffatome im Fettsäuremolekül aufweist. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacIq*-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-, λ -PR- oder λ -PL-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren *amy* und *SPO2*, in den Hefe- oder Pilzpromotoren *ADC1*, *MF α* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH* oder in den Pflanzenpromotoren *CaMV/35S* [Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294], *PRP1* [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos* oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397–404 (Gatz et al., Tetracyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisin säure-induzierbar) oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus *Glycine max* (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der *LeB4*-, *DC3*, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus *Arabidopsis*), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus *Phaseolus vulgaris*), WO 91/13980 (*Bce4*-Promotor aus Brassica), von Bäumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233–239 (*LeB4*-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen *lpt-2*- oder *lpt-1*-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

- Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs vor allem in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samenspezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (*Vicia faba*) [Bäumlein et al., Mol. Gen. Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (*Arabidopsis thaliana*) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin (*Phaseolus vulgaris*) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J., 2,2, 1992], Lpt2 und lpt1 (Gerste) [WO 95/15389 u. WO 95/23230], Samen-spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder α -Amylase (Gerste) [EP 781 849].
- Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.
- Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase und/oder die Lecithin Cholesterin Acyltransferase, die vorteilhafte Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -4-Desaturase, die Δ -5-Desaturase, die Δ -6-Desaturase, die Δ -8-Desaturase und/oder die Δ -5-Elongase, die Δ -6-Elongase und/oder die Δ -9-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen führen können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal. Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch

- möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette
- 5 inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsergebnissen führen.
- 10 Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.
- 15 Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene
- 20 können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt
- 25 aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenase(n), Lipoxxygenase(n), Triacylglycerol-
- 30 Lipase(n), Allenoxid-Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet. Besonders vorteilhafte Nukleinsäuresequenzen sind Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -9-Desaturase-, Δ -12-Desaturase-, Δ -5-
- 35 Elongase-, Δ -6-Elongase- oder Δ -9-Elongase.
- Dabei können die vorgenannten Nukleinsäuren bzw. Gene in Kombination mit anderen Elongasen und Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.
- 40 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und

dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhaft-
erweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie
Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine
Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA
5 verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen
in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, enthalten die im
Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Lysophosphatidsäure Acyltransferasen,
Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin
10 Cholesterin Acyltransferasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die ver-
wendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen
des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie den Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltrans-
ferasen, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -9-Desa-
turase, Δ -12-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder Δ -9-Elongase. Wie
15 hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere
Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein
"Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätz-
lichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler
Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können.
20 Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind,
autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung).
Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom
einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zu-
dem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktions-
25 fähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren"
bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressionsvektoren, die für DNA-Rekombinations-
techniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung
können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die
am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen
30 Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben,
umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann
bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente,
Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren
35 umfassen die die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene
Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren
in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressions-
vektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis
der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden
40 Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten
Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz
von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression
der Nukleotidsequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide

Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in

- 5 Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin.
- 10 Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem
- 15 Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen, Acyl-CoA:Lyso-

20 phospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase-, Lecithin Cholesterin Acyltransferase-, Acyl-CoA:Lyso-

25 phospholipid-Acyltransferase-, Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic

30 Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology.1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium,

35 Colpidium, Glaucocystis, Platyophrya, Potamogeton, Desaturaseudocornulembus, Euplotes, Engelmanniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of

40 Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jené et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-

225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1, λ gt11 or pBdCl, in Streptomyces plJ101, plJ364, plJ702 oder plJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYeDesaturasec1 (Baldari et al. (1987) Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of fungi, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: More Gene Manipulations in Fungi [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428:

Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEp6, YEp13 oder pEMBLye23.

Alternativ können die Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen, Lecithin Cholesterin Acyltransferasen, Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) Mol. Cell Biol. 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) Virology 170:31-39).

Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: Cloning Vectors (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

Bei einer weiteren Ausführungsform des Verfahrens können die Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen, Lecithin Cholesterin Acyltransferasen, Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", Plant Mol. Biol. 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-T-DNA stammen, wie das als Octopinsynthese bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette vorzugsweise andere funktionsfähig verbundene Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/
5 RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive
10 Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in
15 Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Übersicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere
20 Kompartimente von Pflanzenzellen.

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen
25 sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind
30 geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alphaamylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in
35 Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Fettsäure-, Lipid- und Ölsynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein et al., Mol Gen
40 Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor

- aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-
5 Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).
- 10 Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Lyso-phosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacyl-glycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen allein oder in Kombination mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder
15 Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils mehreren Expressionskassetten trans-formiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.
- Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische
20 Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.
- 25 Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat-
30 oder Calciumchlorid-Copräzipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und
35 anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.
- Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des
40 erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Mikroorganismen, wie Pilze oder Hefen oder

Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfuchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölplume, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfuchtpflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind wie oben beschrieben isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen spezifisch C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren mit mindestens einer Doppelbindungen im Fettsäuremolekül umsetzen.

Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder SEQ ID NO: 21 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder SEQ ID NO: 21 aufweisen und eine Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Sequenz,
- 5 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 aufweisen und eine Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

15 Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 20 c) Derivate der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 aufweisen und eine Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz,
- 30 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf

Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 aufweisen und eine Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

Die oben genannte erfindungsgemäßen Nukleinsäuren stammen von Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.

Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst in einer vorteilhaften Ausführungsform zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200, besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- und/oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasemolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungs-sonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleo-

tidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind).

- 5 Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) *Biochemistry* 18:5294-5299) und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St.Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der
- 10 Basis einer der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34
- 15 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungs-
- 20 gemäßige Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz
- 25 entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

- Homologe der verwendeten Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3,
- 30 SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 bedeutet beispielsweise alle-
- 35 lische Varianten mit mindestens etwa 40 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 % oder 90 bis 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4,
- 40 SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SE-

- SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenten
- 5 Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26,
- 10 SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die enzymatische Aktivität der Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase
- 15 besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7,
- 20 SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 kodierten Protein.
- Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6,
- 25 SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.
- 30
- Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34
- 35 oder SEQ ID NO: 36 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren,
- 40 sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder
5 am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von PUFAs in transgenen Organismen vorteilhaft in Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch,
10 Nachtkerze und Tagetes, Solanacaen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat)
15 verwendet und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der PUFAs oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Ver-
20 änderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosyntheseenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf
25 die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet
30 werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehyd-
35 ratierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) E. coli und Salmonella.
40 ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) Biology of Procaryotes. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) Microbiological Reviews 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen). Die so hergestellten an

Phospholipide gebundenen Fettsäuren müssen anschließend wieder für die weitere Elongationen aus den Phospholipiden in den FettsäureCoA-Ester-Pool überführt werden. Dies ermöglichen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen. Weiterhin können diese Enzyme die elongierten Fettsäuren wieder von den CoA-Estern auf die Phospholipide übertragen. Diese Reaktionsabfolge kann gegebenenfalls mehrfach durchlaufen werden.

Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C₁₈-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C₂₀ und C₂₂ verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen, Lecithin Cholesterin Acyltransferasen, vorteilhaft in Kombination mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen wie der Δ-4-, Δ-5-, Δ-6- und Δ-8-Desaturasen und/oder der Δ-5-, Δ-6-, Δ-9-Elongase können Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- und/oder C₂₄-Fettsäuren mit mindestens zwei vorteilhaft mindestens drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C₂₀-, C₂₂- und/oder C₂₄-Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C₂₀ zu C₂₂-Fettsäuren, zu Fettsäuren wie γ-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate der Lysophosphatidsäure Acyltransferasen, Glycerin-3-phosphat Acyltransferasen, Diacylglycerin Acyltransferasen oder Lecithin Cholesterin Acyltransferasen im erfindungsgemäßen Verfahren sind C₁₈-, C₂₀- oder C₂₂-Fettsäuren wie zum Beispiel Linolsäure, γ-Linolensäure, α-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte Substrate sind Linolsäure, γ-Linolensäure und/oder α-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C₁₈-, C₂₀- oder C₂₂-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, 5 Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren 10 Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (s. Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Beta-oxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und 15 -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer 20 & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1):1-16.

25 Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr ausreichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure nicht mehr 30 synthetisieren.

Der Begriff "Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die an der Biosynthese von Fettsäuren beteiligt sind, sowie ihre Homologen, Derivaten oder Analoga. Unter Phospholipiden im Sinne 35 der Erfindung sind zu verstehen Phosphatidylcholin, Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerin, und/oder Phosphatidylinositol vorteilhafterweise Phosphatidylcholin. Die Begriffe Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen Nukleinsäuresequenzen, die eine 40 Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase kodieren und bei

denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Erhöhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Biosyntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoffwechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden. Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauwege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls wieder gegeben in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 Proteine mit mindestens 40 %, vorteilhaft etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37. Die Homologie wurde über den gesamten Aminosäure- bzw. Nukleinsäuresequenzbereich berechnet. Für die Sequenzvergleiche wurde das Programm PileUp verwendet (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5 1989: 151-153) oder die Programme Gap und BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) und Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981))], die im GCG Software-Paket

[Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)] enthalten sind. Die oben in Prozent angegebenen Sequenzhomologiewerte wurden mit dem Programm BestFit über den gesamten Sequenzbereich mit folgenden Einstellungen ermittelt: Gap Weight: 8, Length Weight: 2.

- 5 Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten
- 10 Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase codieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9,
- 15 SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.
- Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6,
- 20 SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 gezeigten Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin
- 25 Acyltransferase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Lysophosphatid-
- 30 säure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Gen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltrans-
- 35 ferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität
- 40 von nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Lysophosphatidsäure

Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Nukleinsäuren unter Verwendung der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in 0,2 x SSC, 0,1 % SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

- Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen. Die verwendeten Programme bzw. Algorithmen sind oben beschrieben.
- Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 durch Standardtechniken, wie stellenspezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäure-

substitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Lysophosphatidsäure Acyltransferase, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, Diacylglycerin Acyltransferase oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die die Lysophosphatidsäure Acyltransferase-, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-, Diacylglycerin Acyltransferase- oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität beibehalten haben. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 kann das kodierte Protein rekombinant expriert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefasst werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

Beispiele

Beispiel 1: Allgemeine Verfahren

a) Allgemeine Klonierungsverfahren:

Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation

- von *Escherichia coli*- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).
- 5

b) Chemikalien

- Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p.A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm), Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter
- 10 Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H₂O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendonukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed
- 15 (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie ach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

c) Klonierung und Expression von Desaturasen und Elongasen

- 20 Der *Escherichia coli*-Stamm XL1 Blue MRF' kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der Δ -6-Desaturase aus *Physcomitrella patens* verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens wurde der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.) verwendet. *E. coli* wurde in Luria-Bertani-Brühe (LB, Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter)
- 25 zugegeben, und 1,5 % Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. *S. erevisiae* wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimal-medium ohne Uracil (CMDum; siehe in: Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K., Albright, L.B., Coen, D.M., und Varki, A. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York)
- 30 mit entweder 2 % (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2 % (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco) hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

d) Klonierung und Expression PUFA-spezifischer Desaturasen und Elongasen

- 35 Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus SEQ ID NO: 46 (*Physcomitrella patens* Δ -6-Desaturase), 48 (*Physcomitrella patens* Δ -6-Elongase) oder 50 (*Phaedactylum tricornutum* Δ -5-Desaturase) so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligonukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet, dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten Translation eingehalten wurde. Entweder
- 40

wurde hierzu die Basenfolge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz eingefügt [Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes, Cell 44, 283-292]. Vor diesem Konsensustriplett wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt, die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors, in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen soll.

Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C, gefolgt von 30 Zyklen mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Synthesezeit von etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss auf die PCR haben wie z.B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc., sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf variiert werden.

Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN) extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphorylierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden. Nach der Transformation von E. coli XL1 Blue MRF' kan wurde eine DNA-Minipräparation [Riggs, M.G., & McLachlan, A. (1986) A simplified screening procedure for large numbers of plasmid mini-preparation. BioTechniques 4, 310-313] an ampicillinresistenten Transformanden durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

e) Transformation von Agrobacterium

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation wurde, wenn nicht anders beschrieben, wie von Deblaere et al. (1984, Nucl. Acids Res. 13, 4777-4788) mit Hilfe eines Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt.

f) Pflanzentransformation

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation wurde, wenn nicht anders beschrieben, unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerations-techniken durchgeführt (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

Nach diesen kann beispielsweise Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyltransformation transformiert werden (Moloney et al., Plant Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989) 694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die Agrobacterium- und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die Rapsselektion wird dabei gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispielsweise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International) oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchenbeschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise beschrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993) ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum usitatissimum*) wurde, wenn nicht anders beschrieben, wie bei Mlynarova et al. [(1994) Plant Cell Report 13:282-285] beschriebenen Technik durchgeführt.

g) Plasmide für die Pflanzentransformation

Zur Pflanzentransformation wurden binäre Vektoren auf Basis der Vektoren pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221-230) oder pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20:1195-1197) verwendet. Die Konstruktion der binären Vektoren, die die zu exprimierenden Nukleinsäuren enthalten, erfolgt durch Ligation der cDNA in Sense-Orientierung in die T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschiedliche Markergene tragen wie beispielsweise das Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) [Ott et al., J. Mol. Biol. 1996, 263:359-360], das eine Resistenz gegen die Imidazolinone vermittelt oder das nptII-Markergen, das für eine Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycinphosphotransferase codiert.

Die gewebespezifische Expression der Nukleinsäuren lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Wenn nicht anders beschrieben wurde der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA ein-kloniert wird. Als Terminatoren wurde der NOS-Terminator und der OCS-Terminator verwendet (siehe Figur 1). Figur 1 zeigt eine Vektorkarte des zur Expression verwendeten Vektor pSUN3CeLPLAT.

Auch jedes andere samenspezifische Promotorelement wie z.B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4):1095-1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1-2):87-98) kann verwendet werden.

Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanze lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1 Promotor verwenden.

- Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen; Desaturasen oder Elongasen codieren, wurden durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor kloniert, um den Stoffwechselweg in Pflanzen nachzubilden.

- Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

Beispiele für Multiexpressionskassetten wurden in DE 102 19 203 offenbart und sind im folgenden nochmals wiedergegeben.

- i.) Promotor-Terminator-Kassetten

- Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau der Expressionskassetten wurden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67; OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

- USP1 vorne:

- CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP2 vorne:

- CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP3 vorne:

- CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP1 hinten:

- AAAACTGCAGGCGGCCGCCACCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT -

USP2 hinten:

- CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT -

USP3 hinten:

- TCCCCCGGGATCGATGCCGGCAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT -

OCS1 vorne:

- AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCCTGCTTTAATGAGATAT -

5 OCS2 vorne:

- CGCGGATCCGATATCGGGCCCGCTAGCGTTAACCCTGCTTTAATGAGATAT -

OCS3 vorne:

- TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT -

OCS1 hinten:

10 - CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

OCS2 hinten:

- CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

OCS3 hinten:

- CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

15 Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

In einem ersten Schritt wurden ein Promotor und ein Terminator über PCR amplifiziert. Dann wurde der Terminator in ein Empfängerplasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor den Terminator inseriert. Dadurch wurde eine Expressions-

20 kassette in das Basis-Plasmid cloniert. Auf Basis des Plamides pUC19 wurden so die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

Die entsprechenden Konstrukte bzw. Plasmide sind in SEQ ID NO: 52, 53 und 54 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator. Auf Basis dieser Plasmide wurde das Konstrukt pUT12 erstellt, indem pUT1 mittels Sall/Scal ge-

25 schnitten wurde und pUT2 mittels XhoI/Scal geschnitten wurde. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente wurden ligiert und in E. coli XL1 blue MRF transformiert. Es wurde nach Vereinzelung von ampicillinresistenten Kolonien DNA prä-

30 pariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/Sall Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnittstellen XhoI und Sall zwischen den Expressionskassetten eliminiert. Das resultierende Plasmid pUT12 wird in SEQ ID NO: 55 wiedergegeben. Anschließend wurde pUT12 wiederum mittels Sal/Scal geschnitten und pUT3 mittels XhoI/Scal geschnitten. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente wurden ligiert

35 und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wurde wieder nach Vereinzelung aus ampicillinresistenten Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressionskassetten enthalten. Auf diese Weise wurde ein Set von Multiexpressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion gewünschter

DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

Diese enthalten folgende Elemente:

Tabelle 1

PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
PUT12 Doppel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT123 Tripel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

5

Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- 10 iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263:359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

15

Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 60 bis 62 zu entnehmen.

Tabelle 2: Multiple Expressionskassetten

Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
pUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/ XbaI/StuI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PleBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII
PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

- 5 Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des
 - a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
 - b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
 - c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.
 - 10 Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressionskassetten wie z.B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.
- Weitere in Pflanzen nutzbare Vektoren mit einer bzw. zwei oder drei Promotor-Terminator-Expressionkassetten sind den Sequenzen SEQ ID NO: 63 bis
- 15 SEQ ID NO: 68 zu entnehmen.
- ii.) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten.

- In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die Δ -6-Elongase Pp_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die Δ -6-Desaturase aus Moos (Pp_des6) über BamHI/NaeI in die zweite Kassette inseriert und schließlich die Δ -5-Desaturase aus *Phaeodactylum* (Pt_des5) über BglII/NcoI in die dritte Kassette inseriert (siehe SEQ ID NO: 56). Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1. Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

Tabelle 3: Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

Gen Plasmid	Δ -6-Desaturase	Δ -5-Desaturase	Δ -6-Elongase
pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
pARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

10

des5 = PUFA spezifische Δ -5-Desaturasedes6 = PUFA spezifische Δ -6-DesaturasePSE = PUFA spezifische Δ -6-ElongasePt_des5 = Δ -5-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum*

15

Pp_des6 oder Pt_des6 = Δ -6-Desaturase aus *Physcomitrella patens* bzw. *Phaeodactylum tricornutum*Pp = *Physcomitrella patens*, Pt = *Phaeodactylum tricornutum*Pp_PSE1 = Δ -6-Elongase aus *Physcomitrella patens*Pt_PSE1 = Δ -6-Elongase aus *Phaeodactylum tricornutum*

20

Ce_des5 = Δ -5-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF078796)Ce_des6 = Δ -6-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF031477, Basen 11-1342)Ce_PSE1 = Δ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF244356, Basen 1-867)

25

Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z.B. Genbank Acc. Nr. AF231981, NM_013402, AF206662, AF268031, AF226273, AF110510 oder AF110509.

iii.) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

30

Die so erstellten Konstrukte wurden mittels AscI in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wurde zu diesem Zweck um eine AscI Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wurde der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche AscI DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wurde mittels EcoRI und HindIII in den Vektor pGPTV inseriert. Die

notwendigen Kloniertechniken sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1 beschrieben nachgelesen werden.

Für die im folgenden beschriebenen Versuche wurden als Nukleinsäuresequenzen für die Δ -5-Desaturase (SEQ ID NO: 50), die Δ -6-Desaturase (SEQ ID NO: 46) und die Δ -6-Elongase (SEQ ID NO: 48), die Sequenzen aus *Physcomitrella patens* und *Phaeodactylum tricornutum* verwendet. Die entsprechenden Aminosäuresequenzen sind den Sequenzen SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49 und SEQ ID NO: 51 zu entnehmen. Ein Vektor der alle vorgenannten Gene enthält ist in SEQ ID NO: 56 wiedergegeben. Die korrespondierenden Aminosäuresequenzen der Gene sind SEQ ID NO: 57, SEQ ID NO: 58 und SEQ ID NO: 59 zu entnehmen.

Beispiel 2: Klonierung und Charakterisierung der ceLPLATs (SEQ ID NO: 38 - 44)

a) Datenbanken-Suche

Die Identifizierung der ceLPLATs (= Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase aus *Caenorhabditis elegans*) erfolgte durch Sequenzvergleiche mit bekannten LPA-ATs. Die Suche wurde mit Hilfe des BLAST-Psi-Algorithmus (Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403-410) auf das Nematodengenom (*Caenorhabditis elegans*) beschränkt, da dieser Organismus LCPUFAs synthetisiert. Für den Sequenzvergleich diente als Sonde eine LPAAT Proteinsequenz aus *Mus musculus* (MsLPAAT Accession Nr. NP_061350). LPLAT katalysiert durch eine reversible Transferasereaktion die ATP-unabhängige Synthese von Acyl-CoAs aus Phospholipiden mit Hilfe von CoA als Cofactor (Yamashita et al., J. Biol. Chem. 2001, 276: 26745-26752). Durch Sequenzvergleiche konnten zwei putative ceLPLAT-Sequenzen identifiziert werden (Accession Nr. T06E8.1 bzw. F59F4.4). Die identifizierten Sequenzen weisen die größte Ähnlichkeit jeweils zueinander und zu MsLPAATs auf (Figur 2). Das Alignment wurde mit dem Programm Clustal erstellt.

b) Klonierung der CeLPLATs

Auf der Basis der ceLPLAT-Nukleinsäuresequenzen wurden Primerpaare synthetisiert (Tabelle 4) und mittels PCR-Verfahren die zugehörigen cDNAs aus einer *C. elegans*-cDNA-Bank isoliert. Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der LPLAT-cDNAs wurde jeweils mit 2 μ l cDNA-Bank-Lösung als Template, 200 μ M dNTPs, 2,5 U "proof-reading" *pfu*-Polymerase und 50 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 58°C für eine Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten. Die Sequenz der LPLAT-cDNAs wurde durch DNA-Sequenzierung bestätigt.

Tabelle 4: Nukleotidsequenzen der PCR-Primer zur Klonierung von CeLPLATs

Primer	Nukleotidsequenz
5' T06E8.1f*	5' ACATAATGGAGAACTTCTGGTTCGATCGTC 3'
3' T06E8.1r*	5' TTACTCAGATTTCTTCCCGTCTTT 3'
5' F59F4.4f*	5' ACATAATGACCTTCCTAGCCATATTA 3'
3' F59F4.4r*	5' TCAGATATTCAAATTGGCGGCTTC 3'

* f: forward, r: reverse

Beispiel 3: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

5 a) Aufarbeitungsmöglichkeiten

Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pilzen, Algen, Ciliaten oder wie in den Beispielen weiter oben beschrieben in Hefen auf die Produktion der mehrfach ungesättigten Fettsäuren oder Pflanzen kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion der Lipide oder Fettsäuren untersucht wird. Diese Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaelwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

Neben den oben erwähnten Verfahren zum Nachweis von Fettsäuren in Hefen werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry

152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., *Advances in Lipid Methodology*, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., *Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide* - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 5 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

10 So kann die Analyse von Fettsäuren oder Triacylglycerin (= TAG, Abkürzungen in Klammern angegeben) z.B. mittels Fettsäuremethylester (= FAME), Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie (= GC-MS) oder Dünnschichtchromatographie (TLC) erfolgen.

15 Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den 15 Literaturstellen darin (1997, in: *Advances on Lipid Methodology*, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, *Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren*, Lipide 33:343-353).

20 Das zu analysierende Pflanzenmaterial kann dazu entweder durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material wird dann anschließend nach dem Aufbrechen zentrifugiert. Das Sediment wird danach in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte 25 Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester können anschließend in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen werden. Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester lassen sich unter Ver- 30 wendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definieren.

35 Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, kann die Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise wird die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt.

b) Fettsäureanalyse in Pflanzen

Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

Die Samen wurden mit 1 % Natriummethanolat in Methoanol aufgenommen und 20 min bei RT (ca. 22 °C) inkubiert. Anschließend wurde mit NaCl Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen.

- 5 Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 mikrom; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die
10 Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA) identifiziert.

Beispiel 4: Funktionelle Charakterisierung der CeLPLATs in Hefe

a) Heterologe Expression in *Saccharomyces cerevisiae*

- 15 Zur Charakterisierung der Funktion der CeLPLATs aus *C. elegans* (SEQ ID NO: 38 - 44) wurden die offenen Leserahmen der jeweiligen cDNAs stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYes2.1Topo unter Verwendung des pYes2.1TOPO TA Expression Kit (Invitrogen) kloniert, wobei pYes2-T06E8.1 und pYes2-F59F4.4 erhalten wurden.

- 20 Da die Expression der CeLPLATs zu einem effizienten Austausch der Acyl-Substrate führen sollte, wurde weiterhin das Doppelkonstrukt pESCLeu-PpD6-Pse1 hergestellt, das die offenen Leserahmen einer $\Delta 6$ -Desaturase (PpD6) und einer $\Delta 6$ -Elongase (PSE1) aus *Physcomitrella patens* (siehe DE 102 19 203) beinhaltet. Die Nukleinsäuresequenz der $\Delta 6$ -Desaturase (PpD6) und der $\Delta 6$ -Elongase (Pse1) werden jeweils in SEQ ID NO: 46 und SEQ ID NO: 48 wiedergegeben. Die korrespondierenden
25 Aminosäuresequenzen sind SEQ ID NO: 47 und SEQ ID NO: 49 zu entnehmen.

- Die *Saccharomyces cerevisiae*-Stämme C13ABYS86 (Protease-defizient) und INVSc1 wurde mittels eines modifizierten PEG/Lithiumacetat-Protokolls gleichzeitig mit den Vektoren pYes2-T06E8.1 und pESCLeu-PpD6-Pse1 bzw. pYes2-F59F4.4 und pESCLeu-PpD6-Pse1 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem Vektor pESCLeu-PpD6-Pse1 und dem leeren Vektor pYes2 transformiert wurde.
30 Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplet-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil und Leucin. Nach der Selektion wurden 4 Transformanten, zwei pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 und zwei pYes2-F59F4.4/pESCLeu-PpD6-Pse1 und eine pESCLeu-PpD6-Pse1/ pYes2 zur
35 weiteren funktionellen Expression ausgewählt. Die beschriebenen Experimente wurden auch im Hefestamm INVSc1 durchgeführt.

Für die Expression der CeLPAATs wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 2 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose, aber ohne Uracil und Leucin mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200rpm inkubiert. 5 ml

- CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil und Leucin) mit 2% Raffinose, 1% (v/v) Tergitol NP-40 und 250 μ M Linolsäure (18:2 $\Delta^{9,12}$) oder Linolensäure (18:3 $\Delta^{9,12,15}$) wurden dann mit den Vorkulturen auf eine OD₆₀₀ von 0,08 angeimpft. Die Expression wurde bei einer OD₆₀₀ von 0,2-0,4 durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 48 h bei 20°C inkubiert.

Fettsäureanalyse

- Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 10 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolysen hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 μ l PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 μ m, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C (halten) programmiert. Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma).

Acyl-CoA Analyse

- Die Acyl-CoA-Analyse erfolgte wie bei Larson and Graham (2001; Plant Journal 25: 115-125) beschrieben.

Expressionsanalyse

- Figuren 2 A und B sowie 3 A und B zeigen die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 Hefen, die mit 18:2 $\Delta^{9,12}$ bzw. 18:3 $\Delta^{9,12,15}$ gefüttert wurden. Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Alle vier transgenen Hefen zeigen eine Synthese von 18:3 $\Delta^{6,9,12}$ und 20:3 $\Delta^{8,11,14}$ bzw. 18:4 $\Delta^{6,9,12,15}$ und 20:4 $\Delta^{8,11,14,17}$, den Produkten der Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase Reaktionen. Dies bedeutet, dass die Gene PpD6 und Pse1 funktional exprimiert werden konnten.

- Figur 3 gibt wie oben beschrieben die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolysen intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden

waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von $18:2^{\Delta 9,12}$ kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

In den Kontroll-Hefen, die mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 transformiert wurden, ist der Anteil von $20:3^{\Delta 8,11,14}$, zu dem $18:3^{\Delta 6,9,12}$ durch Pse1 elongiert wird, wesentlich niedriger als in den Hefen, die zusätzlich die LPLAT T06E8.1 exprimieren. Tatsächlich konnte die Elongation von $18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ durch die zusätzliche Expression von CeLPLAT (T06E8.1) um 100-150% verbessert werden (Figur 4). Diese signifikante Erhöhung des LCPUFA-Gehalts ist nur wie folgt zu erklären: die exogen gefütterten Fettsäuren ($18:2^{\Delta 9,12}$ bzw. $18:3^{\Delta 9,12,15}$) werden zunächst in Phospholipide eingebaut und dort von der Δ -6-Desaturase zu $18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ desaturiert. Erst nach Reäquilibration mit dem Acyl-CoA-Pool können $18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ durch die Elongase zu $20:3^{\Delta 8,11,14}$ - bzw. $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ -CoA elongiert und dann wieder in die Lipide eingebaut werden. Die LPLAT T06E8.1 ist in der Lage, die Δ 6-desaturierten Acylgruppen sehr effizient in CoA-Thioester zurückzuverwandeln. Interessanterweise konnte auch die Elongation der gefütterten Fettsäuren $18:2^{\Delta 9,12}$ und $18:3^{\Delta 9,12,15}$ verbessert werden. (Figur 2 A und B bzw. 5 A und B).

Figur 5 gibt die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von $18:3^{\Delta 9,12,15}$ kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

Die Expression einer anderen CeLPLAT (F59F4.4) hat dagegen keinen Einfluss auf die Elongation (Figur 4). Offenbar kodiert F59F4.4 nicht für eine LPLAT. Nicht jede der putativen LPLAT Nukleinsäuresequenzen ist also enzymatisch aktiv in der erfindungsgemäß gefundenen Reaktion.

Figur 4 gibt die Elongation exogen applizierter $18:2^{\Delta 9,12}$ bzw. $18:3^{\Delta 9,12,15}$ im Anschluss an ihre endogene Δ -6-Desaturierung (Daten aus Fig. 2 und 5) wieder. Die exogen gefütterten Fettsäuren werden zunächst in Phospholipide eingebaut und dort zu $18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ desaturiert. Erst nach Reäquilibration mit dem Acyl-CoA-Pool können $18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ durch die Elongase zu $20:3^{\Delta 8,11,14}$ - bzw. $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ -CoA elongiert und dann wieder in die Lipide eingebaut werden. Die LPLAT T06E8.1 ist in der Lage, die Δ -6-desaturierten Acylgruppen effizient in CoA-Thioester zurückzuverwandeln.

Diese Ergebnisse zeigen, dass die CeLPLAT (T06E8.1) nach Co-expression mit der Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase zu einer effizienten Produktion von C20-PUFAs führt. Diese Ergebnisse sind dadurch zu erklären, dass die CeLPLAT (T06E8.1) einen effizienten Austausch der neusynthetisierten Fettsäuren zwischen Lipiden und dem Acyl-CoA-Pool ermöglicht (siehe Figur 6).

Figur 6 gibt die Acyl-CoA-Zusammensetzung transgener INVSc1 Hefen, die mit den Vektoren pESCLeu PpD6Pse1/pYes2 (A) oder pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (B) transformiert worden waren, wieder. Die Hefezellen wurden in Minimalmedium ohne Uracil und Leucin in Gegenwart von 250 μ M 18:2 ^{Δ 9,12} kultiviert. Die Acyl-CoA-Derivate wurden über HPLC analysiert.

Bei Verwendung des Hefe-Stammes INVSc1 zur Co-Expression von CeLPLAT (T06E8.1) zusammen mit PpD6 und Pse1 ergibt sich folgendes Bild: Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, enthalten wie schon bei Verwendung des Stammes C13ABYS86 gezeigt nur geringe Mengen des Elongationsprodukts (20:3 ^{Δ 8,11,14} bei Fütterung von 18:2 bzw. 20:4 ^{Δ 8,11,14,17} bei Fütterung von 18:3; siehe Figur 7 A und 8 A). Bei zusätzlicher Expression von CeLPLAT (T06E8.1) erfolgt ein deutlicher Anstieg dieser Elongationsprodukte (siehe Figur 7 B und 8 B). Tabelle 5 zeigt, dass die zusätzliche Expression von CeLPLAT überraschenderweise eine 8-fache Erhöhung des Gehaltes an 20:3 ^{Δ 8,11,14} (bei Fütterung von 18:2) bzw. 20:4 ^{Δ 8,11,14,17} (bei Fütterung von 18:3) bewirkt. Daneben zeigt sich, dass auch C16:2 ^{Δ 6,9} zu C18:2 ^{Δ 6,9} effizienter elongiert wird.

Figur 7 ist das Fettsäure-Profil von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen zu entnehmen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von 18:2 ^{Δ 9,12} kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

Figur 8 gibt die Fettsäure-Profil von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von 18:3 ^{Δ 12,15} kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

5

Tabelle 5: Fettsäure-Zusammensetzung (in mol %) transgener Hefen, die mit den Vektoren pESCLEu PpD6Pse1/pYes2 (PpD6 Pse1) oder pESCLEu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (PpD6 Pse1 + T06E8) transformiert worden waren. Die Hefezellen wurden in Minimalmedium ohne Uracil und Leucin in Gegenwart von 250 μ M 18:2 ^{Δ 9,12} oder 18:3 ^{Δ 9,12,15} kultiviert. Die Fettsäuremethylester wurden durch saure Methanolyse ganzer Zellen gewonnen und über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert (n = 4) \pm Standardabweichung wieder.

Fettsäuren	Fütterung mit 250 μ M 18:2 ^{Δ9,12}		Fütterung mit 250 μ M 18:3 ^{Δ9,12,15}	
	Pp Δ 6/Pse1	Pp Δ 6/Pse1+ T06E8	Pp Δ 6/Pse1	Pp Δ 6/Pse1+ T06E8
16:0	15,31 \pm 1,36	15,60 \pm 1,36	12,20 \pm 0,62	16,25 \pm 1,85
16:1 ^{Δ9}	23,22 \pm 2,16	15,80 \pm 3,92	17,61 \pm 1,05	14,58 \pm 1,93
18:0	5,11 \pm 0,63	7,98 \pm 1,28	5,94 \pm 0,71	7,52 \pm 0,89
18:1 ^{Δ9}	15,09 \pm 0,59	16,01 \pm 2,53	15,62 \pm 0,34	15,14 \pm 2,61
18:1 ^{Δ11}	4,64 \pm 1,09	11,80 \pm 1,12	4,56 \pm 0,18	13,07 \pm 1,66
18:2 ^{Δ9,12}	28,72 \pm 3,25	14,44 \pm 1,61	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	3,77 \pm 0,41	4,72 \pm 0,72	-	-
18:3 ^{Δ9,12,15}	-	-	32,86 \pm 1,20	14,14 \pm 2,52
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	-	-	5,16 \pm 1,04	3,31 \pm 1,15
20:2 ^{Δ11,14}	2,12 \pm 0,86	4,95 \pm 4,71	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	1,03 \pm 0,14	8,23 \pm 1,59	-	-
20:3 ^{Δ11,14,17}	-	-	4,12 \pm 1,54	6,95 \pm 2,52
20:4 ^{Δ8,11,14,17}	-	-	1,34 \pm 0,28	8,70 \pm 1,11

- 10 Ein Maß für die Effizienz der LCPUFA-Biosynthese in transgener Hefe stellt der Quotient aus Gehalt der erwünschten Δ -6-Elongationsprodukt nach Δ -6-Desaturierung (20:3 ^{Δ 8,11,14} bzw. 20:4 ^{Δ 8,11,14,17}) zu Gehalt an zugefütterter Fettsäure (18:2 ^{Δ 9,12} bzw. 18:3 ^{Δ 9,12,15}) dar. Dieser Quotient beträgt 0,04 in INVSc1 Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, und 0,60 in Hefen die zusätzlich zu PpD6 und Pse1 CeLPLAT

exprimieren. In anderen Worten: der Gehalt an erwünschtem Δ -6-Elongationsprodukt nach Δ -6-Desaturierung bei Co-Expression von CeLPLAT beträgt 60% des Gehalts der jeweils zugefütterten Fettsäure. In Kontrollhefen beträgt dieser Gehalt nur ca. 4%. Dies bedeutet eine 15-fache Erhöhung der Effizienz der LCPUFA-Biosynthese in transgener Hefe durch Co-Expression von LPLAT.

Interessanterweise bewirkt die Co-Expression von CeLPLAT nicht nur eine Erhöhung der genannten Elongationsprodukte $20:3^{\Delta 8,11,14}$ bzw. $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$, sondern auch eine Erhöhung des Verhältnisses $20:3^{\Delta 8,11,14} : 20:2^{\Delta 11,14}$ bzw. $20:4^{\Delta 8,11,14,17} : 20:3^{\Delta 11,14,17}$. Dies bedeutet, dass in Anwesenheit der LPLAT die Δ -6-Elongase bevorzugt mehrfach ungesättigte Fettsäuren ($18:3^{\Delta 6,9,12}$ und $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$) als Substrat verwendet, während bei Abwesenheit der LPLAT keine ausgeprägte Substratspezifität zu erkennen ist (auch $18:2^{\Delta 9,12}$ und $18:3^{\Delta 9,12,15}$ werden elongiert). Grund hierfür können Protein-Protein-Wechselwirkungen zwischen Δ -6-Elongase, Δ -6-Desaturase und LPLAT oder posttranslationale Modifikationen (z.B. partielle Proteolyse) sein. Dies würde auch erklären, warum der oben beschriebene Anstieg von Δ -6-Elongationsprodukten bei Co-Expression von Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase und LPLAT bei Verwendung eines protease-defizienten Hefestamms geringer ausfällt.

Acyl-CoA Analysen von transgenen INVSc1 Hefen, die mit $18:2^{\Delta 9,12}$ gefüttert wurden, ergaben folgendes Ergebnis: in Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, ist kein $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA und $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA nachweisbar. Dies weist darauf hin, dass weder das Substrat ($18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA) noch das Produkt ($20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA) der Δ -6-Elongase in Kontrollhefen in nachweisbaren Mengen vorhanden ist. Dies lässt darauf schließen, dass der Transfer von $18:3^{\Delta 6,9,12}$ aus Membranlipiden in den Acyl-CoA Pool nicht oder nicht richtig stattfindet. Das bedeutet, dass kaum Substrat für die vorhandene Δ -6-Elongase zur Verfügung steht, was wiederum den geringen Gehalt an Elongationsprodukt in Kontrollhefen erklärt. INVSc1 Hefen, die zusätzlich zur PpD6 und Pse1 die CeLPLAT exprimieren und mit $18:2^{\Delta 9,12}$ gefüttert worden waren, weisen keine signifikanten Mengen an $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA auf, wohl aber $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA. Dies deutet darauf hin, dass LPLAT sehr effizient $18:3^{\Delta 6,9,12}$ aus den Membranlipiden in den Acyl-CoA-Pool überführt. $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA wird dann von der Δ -6-Elongase elongiert, so dass kein $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA, wohl aber $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA nachweisbar ist.

b) Funktionelle Charakterisierung der CeLPLATs in transgenen Pflanzen

Expression funktionaler CeLPLAT in transgenen Pflanzen

In DE 102 19 203 wurden transgene Pflanzen beschrieben, deren Samenöl durch samenspezifische Expression funktioneller Gene kodierend für Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase und Δ -5-Desaturase geringe Mengen an ARA und EPA enthält. Der zur Transformation dieser Pflanzen benutzte Vektor ist SEQ ID NO: 56 zu entnehmen. Um den Gehalt an diesen LCPUFAs zu erhöhen, wurde in den genannten transgenen Pflanzen zusätzlich das Gen CeLPLAT (T06E8.1) in Samen exprimiert.

Zu diesem Zweck wurde der kodierende Bereich von CeLPLAT über PCR amplifiziert.

In Tabelle 6 sind die Primer wiedergegeben, die zur Klonierung eines weiteren Clones der ceLPLAT in binäre Vektoren verwendet wurden.

5 Tabelle 6: Nukleotidsequenzen der PCR-Primer zur Klonierung von CeLPLAT (T06E8.1) in den binären Vektor pSUN3

Primer	Nukleotidsequenz
ARe503f*	5' TTAAGCGCGGCCGCATGGAGAACTTCTGGTCTG 3'
ARe504r*	5' ACCTCGGCGGCCGCCCTTTTACTCAGATTTC 3'

* f: forward, r: reverse

10 Das PCR-Produkt wurde in einen pENTRY Vektor zwischen USP Promotor und OCS-Terminator kloniert. Anschließend wurde die Expressionskassette in die binären Vektoren pSUN300 kloniert. Der entstandene Vektor wurde mit pSUN3CeLPLAT (Figur 1) bezeichnet. Darüber hinaus wurde der kodierende Bereiche von CeLPLAT amplifiziert und zwischen LegB4 Promotor und OCS-Terminator kloniert. Dieser Vektor wurde mit pGPTVCeLPLAT bezeichnet (Figur 9A).

15 Darüberhinaus wurde der kodierende Bereich von CeLPLAT über PCR amplifiziert und zwischen LegB4 Promotor und OCS-Terminator kloniert. Die hierfür verwendeten PCR Primer wurden so ausgewählt, dass in das PCR-Produkt eine effiziente Kosaksequenz eingeführt wurde. Außerdem wurde die DNA-Sequenz von CeLPLAT so verändert, dass sie der codon usage von höheren Pflanzen angepasst war.

Folgende Primer wurden für die PCR verwendet:

Forward primer: 5'-ACATAATGGAGAACTTCTGGTCTATTGTTGTGTTTTTCTA-3'

20 Reverse primer: 5'- CTAGCTAGCTTACTCAGATTCTTCCCGTCTTTTGTTTCTC-3'

Das PCR Produkt wurde in den Klonierungsvektor pCR Script kloniert und über die Restriktionsenzyme XmaI und SacI in den Vektor pGPTV LegB4-700 kloniert. Das entstandene Plasmid wurde mit pGPTV LegB4-700 + T06E8.1 bezeichnet (Figur 9A).

25 Das gleiche PCR Produkt wurde darüber hinaus in einen Multigen-Expressionsvektor kloniert, der bereits die Gene für eine Delta-6-Desaturase aus *Phaeodactylum tri-cornutum* (SEQ ID NO: 69, Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 70) und einer Delta-6-Elongase aus *P. patens* enthielt. Das entstandene Plasmid wurde mit pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1) bezeichnet (Figur 9B). Die Sequenzen des Vektors sowie der Gene sind SEQ ID NO.:71, SEQ ID NO: 72,

SEQ ID NO: 73 und SEQ ID NO: 74 zu entnehmen. Die Δ -6-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum* reicht von Nukleotid 4554 bis 5987 in der SEQ ID NO: 71. Die Δ -6-Elongase aus *Physcomitrella patens* reicht von Nukleotid 1026 bis 1898 und die der LPLAT aus *Caenorhabditis elegans* reicht von Nukleotid 2805 bis 3653 in der
 5 SEQ ID NO: 71.

Tabakpflanzen wurden co-transformiert mit dem Vektor pSUN3CeLPLAT und dem in DE 102 19 203 und SEQ ID NO: 56 beschriebenen Vektor enthaltend Gene kodierend für Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase und Δ -5-Desaturase, wobei die Selektion transgener Pflanzen mit Kanamycin erfolgte.

10 Tabakpflanzen wurden außerdem transformiert mit dem Vektor pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1) [siehe SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73 und SEQ ID NO: 74].

Lein wurde mit dem Vektor pSUN3CeLPLAT transformiert. Die entstandenen transgenen Pflanzen wurden mit solchen transgenen Leinpflanzen gekreuzt, die bereits
 15 geringe Mengen an ARA und EPA aufgrund der funktionellen Genexpression von Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase und Δ -5-Desaturase enthielten.

Weiterhin wurde Lein mit dem Vektor pGPTV LegB4-700 + T06E8.1 transformiert. Die entstandenen transgenen Pflanzen wurden mit solchen transgenen Leinpflanzen gekreuzt, die bereits geringe Mengen an ARA und EPA aufgrund der funktionellen
 20 Expression von Δ -6-Desaturase, Δ -6-Elongase und Δ -5-Desaturase enthielten.

Die Samen von transgenen Tabak- und Leinpflanzen wurden wie weiter vorne beschrieben [Beispiel 3 b)] auf erhöhte Gehalte an LCPUFAs in untersucht.

Aus den hier vorliegenden Arbeiten lässt sich die Funktion der Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferase (LPLAT) wie in Figur 10 A und 10 B dargestellt ableiten.
 25 Der Biosynthese-Weg der LCPUFAS stellt sich damit wie folgt dar.

Desaturasen katalysieren die Einführung von Doppelbindungen in lipidgekoppelte Fettsäuren (*sn*2-Acyl-Phosphatidylcholin), während die Elongasen exklusiv die Elongation Coenzym A-veresterter Fettsäuren (Acyl-CoAs) katalysieren. Nach diesem Mechanismus erfordert die alternierende Wirkung von Desaturasen und Elongasen
 30 einen ständigen Austausch von Acyl-Substraten zwischen Phospholipiden und Acyl-CoA-Pool und somit die Existenz einer zusätzlichen Aktivität, die die Acyl-Substrate in die jeweils notwendige Substratform, d.h. Lipide (für Desaturasen) oder CoA-Thioester (für Elongasen), überführt. Dieser Austausch zwischen Acyl-CoA Pool und Phospholipiden wird durch LCPUFA-spezifische LPLAT ermöglicht. Die Biosynthese von
 35 ARA (A) erfolgt analog zu EPA (B), mit dem Unterschied, dass bei EPA der Δ -6-Desaturierung eine Δ -15-Desaturierung vorgeschaltet ist, so dass α 18:3-PC als Substrat für die Δ -6-Desaturase fungiert. Die Biosynthese von DHA macht einen weiteren Austausch zwischen Phospholipiden und Acyl-CoA-Pool über LPLAT notwendig: 20:5 ^{Δ 5,8,11,14,17} wird vom Phospholipid- zum CoA-Pool transferiert und nach

erfolgter Δ -5-Elongation wird 22:5 ^{Δ 7,10,13,16,19} vom CoA- zum Phospholipid-Pool transferiert und schließlich durch Δ -4-Desaturase zu DHA umgesetzt. Gleiches gilt für den Austausch im Biosyntheseweg unter Verwendung der Δ -8-Desaturase, der Δ -9-Elongase und der Δ -5-Desaturase.

5 Beispiel 5: Funktionelle Charakterisierung der Acyltransferasen

Um die Substratspezifität von Acyltransferasen höherer Pflanzen und LCPUFA-produzierender Organismen zu vergleichen, wurden aus dem LCPUFA-produzierenden Organismus *Mortierella alpina* und aus Sonnenblume mikrosomale Fraktionen isoliert. Die GPAT- und LPAAT-Aktivitäten wurden mit verschiedenen Acyl-CoAs als Substrat
10 getestet.

Um zu überprüfen, ob der LCPUFA-Produzent *Thraustochytrium* tatsächlich DHA in der sn-2 Position der Lipide einbaut, wurde eine Positionsanalyse der Lipide durchgeführt.

Um LCPUFA-spezifische Acyltransferasen zu isolieren, wurde ausgehend von mRNA der LCPUFA-produzierenden Organismen *Thraustochytrium*, *Physcomitrella*, *Cryptocodium cohnii* und *Fusarium* cDNA-Banken, sowie einer *Shewanella* genomischen Bank erstellt und diese über DNA-Sequenzierung näher analysiert. Über Sequenzhomologien wurden Acyltransferaseklone identifiziert. Alternativ wurden über PCR-Techniken Acyltransferasen amplifiziert.
15

20 Transgene *E. coli* Zellen, Hefen, Insektenzellen und Pflanzenzellen mit erhöhter Expression mindestens einer LCPUFA-spezifischen Acyltransferase weisen einen erhöhten Gehalt an LCPUFAs in ihren Lipiden auf.

Beispiel 6: Isolierung mikrosomaler Fraktionen aus *Mortierella*, Sonnenblume und Leinsamen und Analyse der Substratspezifität von Acyltransferasen für
25 verschiedene Acyl-CoAs.

Um herauszufinden, ob höhere Pflanzen, insbesondere Ölsaaten wie Sonnenblume, Lein, Raps oder Soja LCPUFAs in ihre Lipide einbauen können, wurden aus Sonnenblume und Leinsamen Mikrosomen präpariert und verschiedene Acyltransferase-Aktivitäten hinsichtlich ihrer Substratspezifität für LCPUFA-CoAs untersucht. Im
30 einzelnen wurden GPAT-, LPAAT- und LPCAT-Aktivitäten untersucht. Diese Ergebnisse wurden verglichen mit den entsprechenden Acyltransferase-Aktivitäten der LCPUFA-Produzenten *Mortierella alpina*, der bekanntermaßen hohe Gehalte der LCPUFA Arachidonsäure in seinen Lipiden und im Triacylglycerin enthält (C. Ming et al. (1999) *Bioresource Technology* 67: 101-110).

35 Präparation mikrosomaler Membranen aus Cotyledonen reifender Samen von Sonnenblume und Lein

Alle Arbeiten wurden bei 4°C durchgeführt. Die Cotyledonen von reifenden Sonnenblumen- und Leinsamen wurden ungefähr 10 Tage nach Anthesis geerntet und in 0,1 M Natriumphosphatpuffer (pH 7,2), der 0,33 M Saccharose und 0,1 % BSA (fettsäurefrei) enthielt, suspendiert. Nach Zerkleinerung in einem Glashomogenisator wurde das Homogenat bei 20.000 x g, 30 Minuten lang zentrifugiert. Der Überstand wurde durch eine Lage Miracloth filtriert und bei 100.000 x g in einer Ultrazentrifuge 90 Minuten lang zentrifugiert. Die pelletierten mikrosomalen Membranen wurden mit 0,1 M Natriumphosphatpuffer (pH 7,2) gewaschen und in einem kleinen Volumen Puffer resuspendiert, wobei ein Glashomogenisator verwendet wurde. Die mikrosomalen Membranpräparationen wurden entweder sofort weiterverwendet oder bei -80°C gelagert.

Präparation mikrosomaler Membranen aus Mortierella

Kulturen von Mortierella wurden nach 5 Tagen geerntet und auf Eis gestellt. Alle weiteren Arbeiten wurden bei 4°C ausgeführt. Das Mycelium wurde in 0,1 M Natriumphosphatpuffer (pH 7,2), der 0,33 M Saccharose, 0,1 % BSA (fettsäurefrei), 1000 units Katalase/ml und 1 mM Pefabloc enthielt, suspendiert. Die nachfolgenden Schritte wurden wie unter 'Präparationen mikrosomaler Membranen aus Cotyledonen reifender Samen von Sonnenblume und Lein' beschrieben durchgeführt.

Acyl-CoA Substratspezifität von GPAT: Umsetzung einzelner Acyl-CoA Substrate in der Acylierung von [¹⁴C] Glycerin-3-phosphat

Die Spezifität der GPAT wurde untersucht, um zu überprüfen ob das Enzym eine Präferenz für bestimmte Acyl-CoAs hat, insbesondere, um zu ermitteln, ob die GPAT von Ölsaaten LCPUFA-CoAs umsetzt. Mikrosomale Membranen wurden inkubiert mit 0,5 mM (Mortierella) bzw. 0,2 mM (Sonnenblume und Leinsamen) eines der folgenden Acyl-CoAs: Myristoyl-CoA (14:0-CoA), Palmitoyl-CoA (16:0-CoA), Palmitoleoyl-CoA (16:1-CoA), Stearoyl-CoA (18:0-CoA), Oleoyl-CoA (18:1-CoA), Linoleoyl-CoA (18:2-CoA), Dihomo-gamma-linolenoyl-CoA (20:3-CoA) oder Arachidonyl-CoA (20:4-CoA) und 5 mM [¹⁴C] G3P. Mikrosomale Membranen (äquivalent 50 µg Protein bei Sonnenblume und Mortierella bzw. 150 µg Protein bei Leinsamen) wurden dem Reaktionsgemisch zugesetzt, um die Reaktion zu starten. Nach 5 Minuten Inkubationszeit wurden die Lipide nach Bligh & Dyer extrahiert und die in komplexen Lipiden eingebaute Radioaktivität bestimmt.

In Figur 11 und Tabelle 7a und 7b sind die GPAT-Aktivitäten von Mortierella, Sonnenblume und Leinsamen bei verschiedenen Acyl-CoA-Sustraten dargestellt.

Die GPAT von Mortierella baut ungesättigte Fettsäuren effizienter ein als gesättigte Fettsäuren. Oleat und Linoleat wurden mit ähnlichen Einbauraten umgesetzt (100% bzw. 90%). Der Einbau von polyungesättigten Fettsäuren (20:3-CoA und 20:4-CoA) war nur unwesentlich niedriger (80% bzw. 75%).

In mikrosomalen Membranen von Sonnenblume sind ebenfalls Oleat und Linoleat die besten Substrate für die GPAT (100% bzw. 85% Aktivität). Acyl-CoAs der gesättigten Fettsäuren Stearat und Palmitat werden nur ca. halb so gut eingebaut (40% bzw. 64%). Ähnliches gilt für 20:3-CoA (55%). Arachidonyl-CoA ist für GPAT von Sonnenblume ein relativ schlechtes Substrat (23%).

Die GPAT in mikrosomalen Membranen von Leinsamen hat die niedrigste spezifische Aktivität aller untersuchten GPAT-Enzyme. Mit 6 nmol/min/mg Protein ist sie nur halb so aktiv wie Sonnenblumen GPAT und 5 mal weniger aktiv als das Enzym aus *Mortierella*. Bezüglich der Substratspezifitäten verhält sich Die effizientesten Acyl-CoA-Substrate der GPAT aus Leinsamen sind wie bei Sonnenblume Oleat und Linoleat (100% bzw. 90%). Die Einbauraten der gesättigten Fettsäuren Stearat und Palmitat sind mit 65% und 90% deutlich höher als bei Sonnenblume. Arachidonyl-CoA hingegen ist für GPAT von Leinsamen ein äußerst schlechtes Substrat (5%).

Acyl-CoA Substratspezifität von LPAAT: Umsetzung einzelner Acyl-CoA Substrate bei der Acylierung von Lysophosphatidsäure

Die Spezifität der LPAAT wurde untersucht, um zu überprüfen, ob das Enzym eine Präferenz für bestimmte Acyl-CoAs hat, insbesondere, um zu ermitteln, ob die LPAAT von Ölsaaten LCPUFA-CoAs umsetzt. LPAAT Aktivität wurde in einem kontinuierlichen spektralphotometrischen Assay bestimmt, bei dem 5,5-dithio-bis-2-nitrobenzoat (DTNB) verwendet wurde, und die Änderung der Absorption bei 409 nm und 25°C verfolgt wurde (F.M. Jackson et al. (1998) Microbiology 144: 2639-2645). Der Assay enthielt sn-1-Oleoyl-Lysophosphatidsäure (30 nmol), DTNB (50 nmol) und 20 nmol eines der folgenden Acyl-CoAs: Palmitoyl-CoA (16:0-CoA), Stearoyl-CoA (18:0-CoA), Oleoyl-CoA (18:1-CoA), Linoleoyl-CoA (18:2-CoA), Dihomo-gamma-linolenyl-CoA (20:3-CoA) oder Arachidonyl-CoA (20:4-CoA) in 1 ml 0,1 M Phosphatpuffer, pH 7,2. Das in der Reaktion freigesetzte CoA wurde mit Hilfe der Anfangssteigung und des Extinktionskoeffizienten von 13,6 mM⁻¹ x cm⁻¹ quantifiziert. Mikrosomale Membranen (äquivalent 10 µg Protein bei *Mortierella* bzw. 40 µg Protein bei Sonnenblume und Leinsamen) wurden dem Reaktionsansatz zugesetzt, um die Reaktion zu starten.

In Figur 11 und Tabelle 7a und 7b sind die LPAAT-Aktivitäten von *Mortierella*, Sonnenblume und Leinsamen bei verschiedenen Acyl-CoA-Substraten dargestellt.

Die LPAAT von *Mortierella* baut Oleoyl-CoA am effizientesten ein (100 %). Linoleoyl-CoA wird ebenfalls sehr gut umgesetzt (90 %). Die gesättigten Fettsäuresubstrate 16:0-CoA und 18:0-CoA werden zu nur 40 % bzw. 36 % eingebaut, die LCPUFA-Substrate 20:3-CoA und 20:4-CoA hingegen mit einer relativ hohen Effizienz (je 65 %).

In mikrosomalen Membranen von Sonnenblume ist Linoleoyl-CoA das am effizientesten in Phosphatidsäure eingebaute Substrat der LPAAT (250 % relativ zu Oleoyl-CoA). Sowohl gesättigte als auch polyungesättigte Acyl-CoA waren schlechte Substrate für Sonnenblumen LPAAT (relative Aktivitäten kleiner 20 %).

Ein ganz ähnliches Bild ergibt sich für LPAAT aus Leinsamen: Linoleoyl-CoA stellt das beste Substrat dar (120% relativ zu Oleoyl-CoA). Gesättigte Fettsäuren sind schlechte LPAAT-Substrate (25% und 30% für 16:0-CoA und 18:0-CoA). Arachidonyl-CoA wird am schlechtesten umgesetzt (19% relative Aktivität).

- 5 Acyl-CoA Substratspezifität von LPCAT: Umsetzung einzelner Acyl-CoA Substrate bei der Acylierung von Lysophosphatidylcholin

- In höheren Pflanzen und Pilzen werden Fettsäuren zur Herstellung polyungesättigter Fettsäuren desaturiert, während sie mit Phosphatidylcholin (PC) verestert sind (A.K. Stobart und S. Stymne (1985) *Planta* 163: 119-125; F.M. Jackson et al. (1998) *Microbiology* 144: 2639-2645). Die Beteiligung von PC bei der Desaturierung von Fettsäuren auch in Pilzen setzt voraus, dass es ein funktionierendes Transfersystem von Fettsäuren zu und von der sn-2-Position des PC gibt, ähnlich dem, wie es für entwickelnde Ölsamen beschrieben wurde (Jackson et al., 1998; Stobart et al., 1983). Es wird vermutet, dass dieser Transfer der Acylgruppe von Acyl-CoA zur sn-2 Position des PC durch LPCAT katalysiert wird. Hier wurde die Spezifität von LPCAT untersucht, um zu überprüfen, ob das Enzym eine Präferenz für bestimmte Acyl-CoAs hat, insbesondere, um zu ermitteln, ob die LPCAT von Ölsaaten LCPUFA-CoAs umsetzt.

- LPCAT Aktivität wurde in einem kontinuierlichen spektralphotometrischen Assay bestimmt, bei dem 5,5-dithio-bis-2-nitrobenzoat (DTNB) verwendet wurde und die Änderung der Absorption bei 409 nm und 25°C verfolgt wurde. Der Assay enthielt sn-1-Palmitoyl-Lysophosphatidylcholin (30 nmol) als Acyl-Akzeptor, DTNB (50 nmol) und 20 nmol eines der folgenden Acyl-CoAs: Myristoyl-CoA (14:0-CoA), Palmitoyl-CoA (16:0-CoA), Palmitoleoyl-CoA (16:1-CoA), Stearoyl-CoA (18:0-CoA), Oleoyl-CoA (18:1-CoA), Linoleoyl-CoA (18:2-CoA), Dihomo-gamma-linolenoyl-CoA (20:3-CoA) oder Arachidonyl-CoA (20:4-CoA) in 1 ml 50 mM Phosphatpuffer, pH 7,2. Die Reaktion wurde durch Zugabe mikrosomaler Membranpräparation gestartet. Die Menge zugegebener mikrosomaler Membranpräparation betrug 5 µg (*Mortierella* und *Sonnenblume*) bzw. 30 µg (*Leinsamen*). Das in der Reaktion freigesetzte CoA wurde mit Hilfe der Anfangssteigung und des Extinktionskoeffizienten von 13,6 mM⁻¹ x cm⁻¹ bei 409 nm quantifiziert.

In Figur 12 und Tabelle 7a und 7b sind die LPCAT-Aktivitäten von *Mortierella*, *Sonnenblume* und *Leinsamen* bei verschiedenen Acyl-CoA-Substraten dargestellt.

- Die Ergebnisse zeigen, dass LPCAT in mikrosomalen Membranen von *Sonnenblume* und *Mortierella* wesentlich aktiver ist als bei *Leinsamen* (siehe Tab. 10a und 10b). *Mortierella* LPCAT setzt neben 18:1 (100 %) auch 18:2 (40%), 20:3 (85 %) und 20:4 (90%) sehr effizient um. Gesättigte Fettsäuren werden quasi nicht umgesetzt (relative Aktivität kleiner 25 %).

Sonnenblumen LPCAT setzt Oleoyl-CoA und Linoleoyl-CoA ähnlich gut um (100 % bzw. 120 % relative Aktivitäten). Palmitoyl-CoA und Stearoyl-CoA sind schlechte

Substrate (relative Aktivität kleiner 20 %). 20:3-CoA und 20:4-CoA werden quasi nicht umgesetzt (relative Aktivitäten kleiner 5 %).

5 Ähnlich verhält sich LPCAT aus Leinsamen: Oleoyl-CoA und Linoleoyl-CoA werden gleichermaßen gut umgesetzt, hingegen konnte für 20:3-CoA und 20:4-CoA keine LPCAT-Aktivität nachgewiesen werden.

Diskussion der Daten zur Acyl-CoA-Spezifität von GPAT, LPAAT und LPCAT

Die Substratspezifität von G3P acylierenden Enzymen wurde intensiv untersucht, um den Mechanismus der Verteilung von Fettsäuren in Phospholipiden und Triacylglycerin zu verstehen. Mikrosomale GPAT von Säugetieren verwendet gesättigte und ungesättigte Acyl-CoAs (Yamada & Okuyama, 1978; Haldar et al., 1979; Tamai & Lands, 1974). Gleiches wurde für pflanzliche mikrosomale GPATs gezeigt (Frentzen, 1993; Bafor et al. 1990). Jackson et al. (1998) zeigten außerdem, dass weder GPAT noch LPAAT des Pilzes *Mucor circinelloides* eine ausgeprägte Substratspezifität für Acyl-CoAs aufweist. Gesättigte wie ungesättigte Fettsäuren werden bei *Mucor* an beiden Positionen acyliert. Eine gereinigte GPAT der Membranfraktion von *Mortierella ramanniana* zeigte jedoch eine klare Präferenz für Oleoyl-CoA gegenüber Palmitoyl-CoA (Mishra & Kamisaka, 2001).

Um zu untersuchen, ob GPAT in mikrosomalen Membranen von *Mortierella*, Sonnenblume und Leinsamen eine starke Spezifität für bestimmte Acyl-CoA Spezies aufweist, wurden einzelne Acyl-CoAs den Mikrosomen zugesetzt. Die GPAT von *Mortierella* weist insofern Ähnlichkeit zu anderen pflanzlichen, tierischen und pilzlichen GPATs auf, als sie eine breite Spezifität für Acyl-CoAs hat, d.h. gesättigte und ungesättigte Fettsäuren werden an der sn-1 Position von G3P acyliert. Auch die GPATs von Sonnenblumen und Leinsamen mikrosomalen Membranen verwenden gesättigte und ungesättigte Acyldonatoren, in ähnlicher Weise, wie dies für Färberdistel und Turnip rape (Bafor et al., 1990) gezeigt wurde, allerdings mit einer Präferenz für ungesättigte Fettsäuren. Generell ist die *Mortierella* GPAT weniger diskriminierend wie das Sonnenblumen- und Leinsamenenzym. Auffällig ist allerdings, dass Sonnenblumen und Leinsamen GPATs Arachidonyl-CoA quasi gar nicht umsetzt, wogegen das *Mortierella*-Enzym Arachidonyl-CoA sehr effizient acyliert.

Im zweiten Acylierungsschritt ist LPAAT von *Mortierella*, Sonnenblume und Leinsamen aktiv mit sn-1-Oleoyl Lysophosphatidsäure als Acylakzeptor. Ähnlich der GPAT weist auch LPAAT von *Mortierella* eine breite Spezifität für Acyl-CoAs auf. Diese Daten sind ähnlich denen aus Meerschweinchen und Rattenleber Mikrosomen, wo mit Ausnahme von Stearoyl-CoA LPAAT alle Acyl-CoAs mit 16 und 18 C-Atomen, unabhängig vom Sättigungsgrad verestert (Hill und Lands, 1968). In der vorliegenden Arbeit zeigten die Sonnenblumen- und Leinsamen-LPAATs eine starke Spezifität zu Linoleat und Oleat. Gesättigte Fettsäuren hingegen wurden kaum umgesetzt. Diese Daten stimmen überein mit der Beobachtung, dass bei den meisten Ölsaaten LPAAT eine höhere Spezifität für ungesättigte Fettsäuren zeigen (Griffiths et al., 1985; Ichihara et al., 1987). Bei Sonnenblume und Leinsamen ist Arachidonyl-CoA auch für LPAAT ein schlechtes

Substrat. Verglichen mit GPAT ist die LPAAT-Aktivität von Sonnenblume und Leinsamen aber etwas höher.

Die Spezifität von LPCAT in mikrosomalen Präparationen von *Mortierella* und Sonnenblume wurde ebenfalls untersucht. In *Mortierella* zeigte LPCAT ein breites Spektrum der Substratspezifität auf. Die Aktivität des Enzyms mit verschiedenen Acyl-CoAs nahm in der Reihenfolge 18:1-CoA > 20:4-CoA > 20:3-CoA > 16:1-CoA > 18:2-CoA ab. LPCAT aus Sonnenblume und Leinsamen zeigte kaum Aktivität mit 20:3 und 20:4-CoA. LPCAT in Rinderhirn-Mikrosomen zeigten auch eine schwache Aktivität mit gesättigten Acyl-CoAs und eine größere Aktivität mit Linoleoyl- und Oleoyl-CoA (Deka et al., 1986). LPCAT von Rinder-Herzmuskel-Mikrosomen akzeptieren einen großen Bereich von Substraten, obwohl die Aktivität besonders hoch mit Arachidonyl-, Linoleoyl- und Oleoyl-CoA-Substraten ist (Sanjawara et al., 1988). In Pflanzen wurde die Acyl-Spezifität und Selektivität von LPCAT in Mikrosomen von Färberdistel (Stymne et al., 1983; Griffith et al., 1985) und Leinsamen (Stymne & Stobart, 1985a) untersucht. Oleat und Linoleat wurden mit ungefähr der gleichen Umsatzrate an die sn-2-Position von PC acyliert. Die Aktivität mit alpha-Linoleat betrug nur etwa die Hälfte. Palmitat und Stearat waren wesentlich schlechtere LPCAT-Substrate, wenn sie als einzelne Acyl-CoAs angeboten wurden. Wurde eine Mischung aus gesättigten und ungesättigten Acyl-CoAs angeboten, so wurden Palmitat und Stearat vollständig vom PC ausgeschlossen. Auch LPCAT in mikrosomalen Membranen von *Mucor circinelloides* verwendet Oleoyl- und Linoleoyl-CoA wesentlich effizienter als gesättigte Fettsäuren. Es gibt also eine große Übereinstimmung bei der Spezifität von pflanzlicher, tierischer und pilzlicher LPCATs. Die Tatsache, dass LPCAT aus mikrosomalen Membranen von *Mortierella* nur eine schwache Aktivität mit Stearoyl-CoA und eine gute Aktivität mit Oleoyl- und Linoleoyl-CoA aufweist, könnte darauf hinweisen, dass Phosphatidylcholin als Substrat für Desaturasen dient. Es wurde demonstriert, dass Oleat an der sn-1 und der sn-2 Position von PC als Substrat für die Δ -12-Desaturase in Ölsaaten dient (Stymne & Stobart, 1986; Griffiths et al., 1988). Ähnliche Ergebnisse wurden für *Mucor circinelloides* berichtet (Jackson et al., 1998). Die Δ -6-Desaturase verwendet auch Linoleat an der sn-2 Position von PC in mikrosomalen Membranpräparationen von *Mucor* (Jackson et al., 1998). Auch die Δ -6-Desaturase von *Borretsch* verwendet ausschließlich Linoleat an der sn-2 Position des Phospholipids (Stymne & Stobart, 1986; Griffiths et al., 1988).

Die in Beispiel 6 beschriebenen Ergebnisse zeigen, dass Acyltransferasen von Sonnenblume und Lein LCPUFAs wie Dihomo- γ -Linolenat und Arachidonat nicht effizient in die Membran- und Speicherlipide einbauen können. Obwohl LCPUFAs in Ölsaaten wie Sonnenblume, Lein oder Soja produziert werden können, indem die entsprechenden Biosynthesegene funktional exprimiert werden, ist davon auszugehen, dass die gebildeten LCPUFAs aufgrund fehlender Acyltransferase-Aktivitäten nicht effizient in Triacylglycerin eingebaut werden, was zu einem niedrigen Ertrag führt. Zusätzlich zu LCPUFA-Biosynthesegenen (z.B. Desaturasen und Elongasen oder Polyketidsynthasen) müssen also Acyltransferasen mit einer hohen Spezifität für LCPUFA-CoAs in Ölsaaten transformiert werden. Hierfür eignen sich Acyltransferasen

von LCPUFA-produzierenden Organismen wie *Mortierella*, *Phaeodactylum*, *Cryptocodium*, *Physcomitrella*, *Euglena* und *Thraustochytrium*.

Tabelle 7a und 7b geben die Aktivität und Acyl-Spezifität von Lein, Sonnenblume und *Mortierella alpina* Acyltransferasen wieder.

- 5 Tabelle 7a: Aktivität und Acyl-Spezifität von Lein- und Sonnenblume- Acyltransferasen

Enzymaktivität	Lein			Sonnenblume		
	GPAT	LPAAT	LPCAT	GPAT	LPAAT	LPCAT
Rate (nmol/min/mg protein) des Ölsäure-Einbaus	6	25	9	13	28	360
Prozentualer Einbau im Vergleich zum Ölsäureeinbau						
Myristoyl-CoA	100	30	0	57	16	1
Palmitoyl-CoA	90	25	5	64	15	13
Palmitoleoyl-CoA		140	180		140	90
Stearoyl-CoA	65	30	15	40	14	18
Oleoyl-CoA	100	100	100	100	100	100
Linoleoyl-CoA	90	120	100	85	250	120
20:3-CoA			0	55		3
Arachidonoyl-CoA	5	19	0	23	18	4

Tabelle 7b: Aktivität und Acyl-Spezifität von *Mortierella alpina* –Acyltransferasen

Enzymaktivität	<i>Mortierella alpina</i>		
	GPAT	LPAAT	LPCAT
Rate (nmol/min/mg protein) des Ölsäure-Einbaus	30	51	350
Prozentualer Einbau im Vergleich zum Ölsäureeinbau			
Myristoyl-CoA		55	0
Palmitoyl-CoA	66	40	25
Palmitoleoyl-CoA		70	60
Stearoyl-CoA	50	36	10
Oleoyl-CoA	100	100	100
Linoleoyl-CoA	90	90	40
20:3-CoA	80	65	85
Arachidonoyl-CoA	75	65	90

Beispiel 7: Positionsanalyse der Lipide von *Thraustochytrium*

- 5 In Beispiel 6 wurde gezeigt, dass LCPUFA-Produzenten wie *Mortierella* über membrangebundene Acyltransferase-Aktivitäten verfügen, die LCPUFA-CoAs in Membran- und Speicherlipide einbauen. Durch Positionsanalysen der Lipide von LCPUFA-Produzenten kann man Rückschlüsse auf die in-vivo-Aktivitäten der einzelnen Acyltransferasen ziehen. Daher wurde im folgenden untersucht, welche Fettsäuren an den
- 10 einzelnen Positionen der Lipide des DHA-Produzenten *Thraustochytrium* verestert sind.

a) Kultivierung von *Thraustochytrium spec.*(TS) ATCC 26185

- Die Kultivierung des Pilzes TS erfolgte in TS-Flüssigkultur und durch Ausstreichen auf TS-Platten. Alle drei Wochen wurden die Pilze auf neue Platten überimpft, zwei Tage
- 15 bei 28°C gelagert und anschließend bei RT (ca. 23°C) aufbewahrt. Die Flüssigkultur wurde bei 30°C unter Schütteln inkubiert und nach 6 Tagen geerntet. Das Schütteln der Kultur unter Lichteinstrahlung erhöht die Lipidausbeute (Daten nicht gezeigt).

l) TS-Medium: (Bajpai et al. (1991) JAOCS 68: 507-514)

a) 10x Lösung A (g/l):

	250 g/l	NaCl
	50 g/l	MgSO ₄ ·7H ₂ O
5	10 g/l	KCl
	20 g/l	Na-Glutamat
	2 g/l	(NH ₄) ₂ SO ₄
	20 g/l	Glucose

Lösung autoklavieren.

10 b) 10x Lösung B (g/l)

	200 g/l	Glucose
	20 g/l	Hefeextrakt

Lösung B wurde sterilfiltriert.

c) 10x Lösung C (g/l)

15 2 g/l CaCO₃

Zum Lösen des CaCO₃ wurde die Lösung mit HCl angesäuert und anschließend autoklaviert.

d) 10x Lösung D (g/l)

20 1 g/l KH₂PO₄
1 g/l NaHCO₃

Die Lösung wurde autoklaviert.

Supplemente: Thiamin und Vitamin B₁₂

Zu 600 ml autoklaviertem dest. Wasser wurde je 100 ml der 10x Lösungen a) bis d) und 10 µg/l Thiamin und 1 µg/l Vitamin B₁₂ zugegeben

25 b) Lipidanalyse von *Thraustochytrium* (Bligh & Dyer (1959) Canadian J. Biochem. 37: 911-917)

30 Zur Extraktion der Gesamtlipide aus TS in Flüssigkultur wurden diese durch Zentrifugation bei 3000g für 10 Minuten sedimentiert. Nach Resuspension der Zellen in 10 ml 0,45% NaCl wurden diese für 10 Minuten im Wasserbad gekocht. Nach einem weiteren Zentrifugationsschritt (wie oben) der in 40 ml-Schliffgläschen umgefüllten Suspension wurde das Sediment in Trichlormethan/Methanol 1:2 (v/v) aufgenommen. Dabei richtete sich das Volumen des Lösungsmittelgemisches nach dem Volumen des

Sedimentes. Im allgemeinen wurden für die Extraktion einer 100 ml-Kultur 10 ml des Gemisches benötigt. Die erste Extraktion fand für mindestens 6 Stunden, zumeist allerdings über Nacht bei 8°C auf einem Schüttler statt. Anschließend wurden die Zellreste erneut sedimentiert und der Überstand wurde bei 8°C aufbewahrt. Die zweite Extraktion fand entsprechend der Ersten, allerdings mit Trichlormethan/Methanol 2:1 (v/v) über Nacht statt. Nach der zweiten Extraktion wurden die Zellreste erneut sedimentiert und der Überstand wurde mit dem der ersten Extraktion vereinigt. Die vereinigten Extrakte wurden dann auf das Verhältnis Trichlormethan/Methanol/0,45 % NaCl 2:1:0,7 eingestellt und geschüttelt. Dabei werden nicht erwünschte, coextrahierte Substanzen wie Zucker ausgeschüttelt und gelangen in die wässrige Phase. Daraufhin wurde der Extrakt bis zur Phasentrennung zentrifugiert, die organische Unterphase abgenommen und zur Befreiung von Schwebstoffen durch Watte in einen Rundkolben filtriert. Der Lipidextrakt wurde am Rotationsverdampfer bis zur Trockene eingeeengt, die Gesamtlipide wurden in Trichlormethan/Methanol 2:1 (v/v) und in ein Schliffglasröhrchen überführt. Dann wurde der Extrakt unter Stickstoff erneut bis zur Trockene eingeeengt und abschließend in Trichlormethan/Methanol 2:1 (v/v) in einem definierten Volumen aufgenommen.

c) Lipidanalyse aus Thraustochytrium-Membranen

Isolierte Thraustochytrium-Membranen wurden in ein Schliffröhrchen überführt und in 0,45% NaCl aufgenommen und im Wasserbad 5 Minuten lang aufgeköcht, um lipidabbauende Enzyme zu inaktivieren. Nach Zentrifugation (5 Minuten, 3000 x g) wurde der wässrige Überstand dekantiert. Die Extraktion der Lipide erfolgte eine Stunde lang bei 4°C in Trichlormethan/Methanol (2:1). Nach Zugabe von 1/3 Volumen 0,45% NaCl wurden die Proben zur besseren Phasentrennung zentrifugiert (5 Minuten, 3000 x g). Die untere, lipidhaltige Phase wurde entnommen und unter Vakuum eingeeengt. Die Lipide wurden in einem geeigneten Volumen Trichlormethan aufgenommen.

Im direkten Anschluß wurden die Lipide auf Kieselgelplatten (Kieselgel 60, 20 x 20 cm, 0,25 mm Schichtdicke; Merck, Darmstadt) zur dünnenschicht-chromatographischen Trennung der Phospholipide mit geeigneten Standards aufgetragen. Als Laufmittel wurde Trichlormethan/Methanol/Eisessig/H₂O 91/30/4/4 (v/v/v/v) verwendet. Die Laufzeit betrug 1,5 Stunden. Nach Eindampfen des Lösungsmittels wurden die Platten mit 2',7'-Dichlorfluorescein (Merck, Darmstadt; in 0,3% iso-Propanol) angefärbt und unter UV-Licht (366 nm) sichtbar gemacht.

d) Lipaseverdau der Thraustochytrium-Gesamtlipide

Der enzymatische Verdau erfolgt mittels Pankreaslipase (EC 3.1.1.3). Die hydrolytische Spaltung erfolgt an der Phasengrenze zwischen Fett und Wasser, wobei das Enzym in Triacylglycerolen (TAGs) spezifisch die randständigen Esterbindungen in *sn*-1 und *sn*-3-Position angreift. Intermediär werden 1,2- und 2,3-Diacyl-*sn*-glycerole angereichert, die anschließend zu *sn*-2 Monoacylglycerolen weiter verdaut werden.

Nach dünnenschichtchromatographischer Auftrennung und Gewinnung der *sn*-2 Mono-

acylglycerol-Fraktion wird die Fettsäure-Zusammensetzung der TAGs in der mittleren Position ermittelt.

5 In ein Glasschliffröhrchen wurden 50 mg des Gesamtlipides eingewogen. Nach Zusatz von 0,5 ml Tris-Puffer, 0,1 ml CaCl_2 -Lösung und 0,25 ml Gallensalzlösung (0,05 % (w/v) Gallensalz; Sigma, Deisenhofen) wurde das Schliffröhrchen verschlossen. Das Gemisch wurde eine Minute lang durchmischt und anschließend eine Minute in einem Wasserbad bei 40°C vortemperiert, um die Probe zu emulgieren.

10 Die Hydrolyse erfolgte nach Zusatz von Pankreaslipase (EC 3.1.1.3; Sigma, Deisenhofen; 2 mg Lipase pro 5 mg Lipid; Lipase frisch gelöst in 0,5 ml Tris-Puffer) bei 38°C und hoher Schüttelfrequenz (möglichst 1200 U/min). Nach 30 Minuten wurde die Reaktion durch Zusatz von 1 ml HCl (6 N) und 1 ml Ethanol abgebrochen.

15 Das Reaktionsgemisch wurde im Zentrifugenglas 2 mal mit je 4 ml Diethylether extrahiert. Dabei wurde die obere etherische Phase abgenommen. Die verbleibende wässrige Phase wurde erneut mit Diethylether extrahiert. Die Entstehung von Emulsionen wurde bei jedem Extraktionsschritt zusätzlich durch Zentrifugation unterbunden. Die vereinigten etherischen Phasen wurden durch ausschütteln mit je 3 ml Wasser (dest.) gewaschen. Die organische Phase wurde in ein neues Röhrchen überführt und mit Natriumsulfat getrocknet. Nach 2-minütiger Zentrifugation bei 3000 x g wurde der klare Überstand abgenommen und das Natriumsulfatpellet erneut mit Diethylether aus-
20 geschüttelt, wie oben angegeben zentrifugiert und die organischen Phasen vereinigt. Nach Einengung des Etherextraktes unter Vakuum wurde im direkten Anschluss der Extrakt auf Kieselgelplatten (Kieselgel 60, 20 x 20 cm, 0,25 mm Schichtdicke; Merck, Darmstadt) zur dünnenschicht-chromatographischen Trennung der Partialglyceride aufgetragen. Als Laufmittel (mobile Phase) wurde Diisopropylether-Eisessig 40:1 (v/v)
25 verwendet. Die Laufzeit betrug 35-45 Minuten. Nach Verflüchtigung des Lösungsmittels wurden die Platten mit 2',7'-Dichlorfluorescein (Merck, Darmstadt; in 0,3% iso-Propanol) angefärbt und unter UV-Licht sichtbar gemacht. Die einzelnen Lipidfraktionen wurden in folgender Reihenfolge aufgetrennt: Monoacylglycerole (*sn*-2 MAGs, unmittelbar über der Startlinie), Diacylglycerole (*sn*-1,2- und *sn*-2,3-DAGs) freie Fettsäuren (FFA) und die nicht umgesetzten TAGs.
30

Die MAG-Bande wurde von der Kieselgelplatte abgekratzt. Die Bestimmung der Fettsäurezusammensetzung der TAGs erfolgte durch Transmethylierung und anschließender gaschromatographischer Auftrennung der Fettsäure-Methylester (FAME).

Tris-Puffer:

35 1M Tris/HCl, pH mit HCl auf 8,0 einstellen

CaCl-Lösung

2,2% (w/v) CaCl_2

e) Lipaseverdau der Thraustochytrium-Membranlipide (Fischer et al., 1973)

Die Positionsanalyse der Membranlipide erfolgte durch enzymatische Hydrolyse der sn-2-Esterbindung mit Phospholipase A₂ (EC 3.1.1.4).

5 Die isolierten Membranlipide wurden unter Vakuum eingeeengt, mit 0,5 ml Hydrolyse-
puffer versetzt und 5 min lang mit dem Ultraschallstab dispergiert. Die Hydrolyse
erfolgte bei RT nach Zugabe von 50 U der Phospholipase A₂. Die Reaktion wurde
durch Zugabe von 4 ml Trichlormethan/Methanol 2:1 (v/v) und 0,45% NaCl gestoppt.
Die organische Unterphase wurde in ein neues Gefäß überführt, am Rotationsver-
dampfer eingeeengt und in 200 µl Trichlormethan/Methanol 2:1 (v/v) aufgenommen.

10 Im direkten Anschluss wurde der Ansatz auf Kieselgelplatten (Kieselgel 60,
20 x 20 cm, 0,25 mm Schichtdicke; Merck, Darmstadt) zur dünnschicht-chromato-
graphischen Trennung der Phospholipide aufgetragen. Als Laufmittel wurde Trichlor-
methan/Methanol/Eisessig/H₂O 91/30/4/4 (v/v/v/v) verwendet. Die Laufzeit betrug
1,5 Stunden. Nach Eindampfen des Lösungsmittels wurden die Platten mit 2',7'-
15 Dichlorfluorescein (Merck, Darmstadt; in 0,3% iso-Propanol) angefärbt und unter UV-
Licht sichtbar gemacht. Interessante Banden wurden von der Kieselgelplatte abge-
kratzt, transmethyliert und anschließend am Gaschromatographen analysiert.

Hydrolysepuffer

20 0,1 M Borsäure, pH 8,0
3 mM CaCl₂
1,4 mM Na-Desoxycholat

f) Transmethylierung von Fettsäuren mit Na-Methylat (nach Lühs)

25 Lipidproben wurde nach Abdampfen des Lösungsmittels bzw. nach Abkratzen von der
Dünnschichtplatte (z.B. bei sn-2 Analyse der Gesamtlipide) mit 2 ml Na-methylatlösung
zur Umesterung versetzt. Der Ansatz wurde gut geschüttelt und zur Transmethylierung
der Fettsäuren ca. 30 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert. Anschließend wurde
1,5 ml iso-Octan zugegeben und vorsichtig zweimal geschüttelt. Der Ansatz wurde
30 30 Minuten lang bei 4°C gelagert, wobei die Fettsäure-Methylester (FAME) in die iso-
Octanphase übergehen. Nachdem sich die Phasen deutlich getrennt hatten wurde
die obere iso-Octanphase in ein GC-Gläschen abpipettiert und die Probe am Gas-
chromatographen gemessen.

Na-Methylatlösung

35 5 g Natriummethylat wurden in 800 ml Methanol (99%) mittels Magnetrührer bei 50°C
gelöst und nach dem Abkühlen mit iso-Octan auf 1000 ml aufgefüllt.

g) Methylierung freier Fettsäuren mit methanolischer Schwefelsäure

- In einem Pyrexröhrchen mit Gewindedeckel wurde 1 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure zu dem eingeeengtem Lipidextrakt zugegeben. Der Ansatz wurde eine Stunde lang bei 80°C inkubiert. Nach kurzem Abkühlen wurde der Ansatz mit 1 ml 0,9% NaCl versetzt und durchmischt. Anschließend wurde gleiches Volumen Hexan zugegeben, gut gemischt und der Ansatz bei 4°C, 30 Minuten lang bis zur Phasentrennung inkubiert. Die obere Hexanphase wurde in ein GC-Gläschen überführt und am Gaschromatographen analysiert.

Methanolische Schwefelsäure

- Zu 100 ml Methanol (wasserfrei) wurden mit 2 ml Dimethoxypropane und 0,5 M H₂SO₄ zugegeben.

h) Gaschromatographische Analyse

Für die GC-Analysen wurden folgende Parameter des gaschromatographischen Systems eingehalten:

- | | | |
|----|----------------|---|
| 15 | Gerätetyp | HP 6890 GC |
| | Injektor | HP GC Injector |
| | Detektor | Flammen Ionisations Detektor (FID), Temp. 250°C |
| | Säule | J&W DW23 50% Cyanopropyl/methylsiloxane, 30 m, 0,5 mm Durchmesser |
| 20 | Ofentemperatur | 220°C |
| | Trärgas | Wasserstoff |
| | Autosampler | HP 7673, Einspritzmenge 1 µl Probe |

i) Die Lipidanalyse der Thraustochytrium-Lipide lieferte folgende Ergebnisse

25

Lipidfraktion	Fettsäurezusammensetzung			
	16:0	22:3 ω -3	22:4 ω -3	22:6 ω -3
TAG gesamt	24 %	12 %	31 %	23 %
TAG sn-2	21 %	26 %		43 %
Membranlipide gesamt	16 %	13 %		23 %
Membranlipide sn-2	34 %	18 %		36 %

- Die Ergebnisse zeigen, dass Thraustochytrium einen hohen Gehalt an DHA in seinen Lipiden besitzt. DHA stellt mit neben Palmitat die Hauptkomponente der Triacylglycerole dar und ist die dominierende Fettsäure der Membranlipide. Auffällig ist, dass DHA an der sn-2 Position sowohl des Triacylglycerols als auch der Membranlipide deutlich angereichert ist: 36-43% der Fettsäuren an der sn-2 Position ist DHA. Aufgrund dieser Daten kann man davon ausgehen, dass Thraustochytrium über eine aktive LPAAT verfügt, die eine hohe Spezifität für DHA-CoA aufweist.

Beispiel 8: Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)⁺-RNA

- Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgte nach einer bei Logemann et al. beschriebenen Methode (Anal. Biochem. (1987) 163: 21). Aus dem Moos *Physcomitrella patens* kann die Gesamt-RNA aus Protonema-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al. (1994) Mol. Gen. Genet. 244: 351-359) gewonnen werden.

a) RNA Isolierung aus Thraustochytrium, Cryptocodinium und Shewanella:

- Tiefgefrorene Algenproben (-70°C) wurden in einem eiskaltem Mörser unter Flüssigstickstoff zu feinem Pulver zerreiben. 2 Volumen Homogenisationsmedium (12,024 g Sorbitol, 40,0 ml 1 M Tris-RC1, pH 9 (0,2 M); 12,0 ml 5 M NaCl (0,3 M), 8,0 ml 250 mM EDTA, 761,0 mg EGTA, 40,0 ml 10% SDS wurden auf 200 ml mit H₂O aufgefüllt und der pH auf 8,5 eingestellt) und 4 Volumen Phenol mit 0,2% Mercaptoethanol wurden bei 40-50°C unter gutem Mischen zu gefrorenem Zellpulver gegeben. Danach wurden 2 Volumen Chloroform hinzufügen und für 15 min kräftig gerührt. Es wurde 10 min bei 10000g zentrifugiert und die wässrige Phase mit Phenol/Chloroform (2Vol/2Vol) und abschließend mit Chloroform extrahiert.

- Das erhaltene Volumen der wässrigen Phase wurde mit 1/20 Vol 4 M Na-Acetat (pH 6) und 1 Vol Isopropanol (eiskalt) versetzt und die Nukleinsäuren bei -20°C ÜN (= über Nacht) gefällt. Es wurde 30 min bei 10000 g zentrifugiert und der Überstand abgesogen. Es folgte ein Waschschriff mit 70% EtOH und erneute Zentrifugation. Das Sediment wurde in Tris-Borat-Puffer (80 mM Tris-Borat-Puffer, 10 mM EDTA, pH 7,0). Dann wurde der Überstand mit 1/3 Vol 8 M LiCl versetzt, gemischt 30 min bei 4°C inkubiert. Nach erneutem zentrifugieren wurde das Sediment mit 70% Ethanol gewaschen, zentrifugiert und das Sediment anschließend in RNase-freiem Wasser gelöst.

Die Isolierung von poly(A)⁺-RNA erfolgte unter Verwendung von Dyna Beads (Dyna, Oslo, Finnland) nach den Anweisungen im Protokoll des Herstellers.

- Nach der Bestimmung der RNA- oder poly(A)⁺-RNA-Konzentration wurde die RNA durch Zugabe von 1/10 Volumina 3 M Natriumacetat, pH 4,6, und 2 Volumina Ethanol gefällt und bei -70°C aufbewahrt.

Für die Analyse wurden jeweils 20 µg RNA in einem Formaldehydhaltigen 1,5%igen Agarosegel aufgetrennt und auf Nylon Membranen (Hybond, Amersham) überführt. Der Nachweis spezifischer Transkripte wurde wie bei Amasino beschrieben durchgeführt (Amasino (1986) Anal. Biochem. 152: 304).

5 Beispiel 9: Konstruktion von cDNA-Banken

Zur Konstruktion der cDNA-Banken aus *Physcomitrella*, *Thraustochytrium* und *Fusarium* wurde die Erststrangsynthese unter Verwendung von Reverser Transkriptase aus Maus-Leukämie-Virus (Roche, Mannheim, Deutschland) und Oligo-d(T)-Primern, die Zweitstrangsynthese durch Inkubation mit DNA-Polymerase I, Klenow-Enzym und
10 RNase H-Spaltung bei 12°C (2 Std.), 16°C (1 Std.) und 22°C (1 Std.) erzielt. Die Reaktion wurde durch Inkubation bei 65°C (10 min) gestoppt und anschließend auf Eis überführt. Doppelsträngige DNA-Moleküle wurde mit T4-DNA-Polymerase (Roche, Mannheim) bei 37°C (30 min) mit glatten Enden versehen. Die Nukleotide wurden durch Phenol/Chloroform-Extraktion und Sephadex-G50-Zentrifugiersäulen entfernt.
15 EcoRI/XhoI-Adapter (Pharmacia, Freiburg, Deutschland) wurden mittels T4-DNA-Ligase (Roche, 12°C, über Nacht) an die cDNA-Enden ligiert, mit XhoI nachgeschnitten und durch Inkubation mit Polynukleotidkinase (Roche, 37°C, 30 min) phosphoryliert. Dieses Gemisch wurde der Trennung auf einem Low-Melting-Agarose-Gel unterworfen. DNA-Moleküle über 300 Basenpaaren wurden aus dem Gel eluiert, phenol-extrahiert,
20 auf Elutip-D-Säulen (Schleicher und Schüll, Dassel, Deutschland) konzentriert und an Vektorarme ligiert und in lambda-ZAPII-Phagen oder lambda-ZAP-Express-Phagen unter Verwendung des Gigapack Gold-Kits (Stratagene, Amsterdam, Niederlande) verpackt, wobei Material des Herstellers verwendet und seine Anweisungen befolgt wurden.

25 Beispiel 10: DNA-Sequenzierung und Computeranalyse

cDNA-Banken, wie im Beispiel 9 beschrieben, wurden zur DNA-Sequenzierung nach Standardverfahren, insbesondere durch das Kettenterminationsverfahren unter Verwendung des ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction-Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt, Deutschland), verwendet. Die Sequenzierung zufälliger,
30 vereinzelter Klone wurde anschließend an die präparative Plasmidgewinnung aus cDNA-Banken über in vivo-Massenexcision und Retransformation von DH10B auf Agarplatten durchgeführt (Einzelheiten zu Material und Protokoll von Stratagene, Amsterdam, Niederlande). Plasmid-DNA wurde aus über Nacht gezüchteten *E. coli*-Kulturen, die in Luria-Brühe mit Ampicillin (siehe Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6)) gezüchtet worden waren, an einem Qiagen-DNA-Präparations-Roboter (Qiagen, Hilden) nach den Protokollen des Herstellers präpariert. Sequenzierprimer mit den folgenden Nukleotidsequenzen wurden verwendet:

5'-CAGGAAACAGCTATGACC-3'

40 5'-CTAAAGGGAACAAAAGCTG-3'

5'-TGTAACGACGGCCAGT-3'

Die Sequenzen wurden unter Verwendung des Standard-Softwarepakets EST-MAX, das kommerziell von Bio-Max (München, Deutschland) geliefert wird, prozessiert und annotiert. Durch Nutzung von Vergleichsalgorithmen und unter Verwendung einer
5 Suchsequenz wurde mit Hilfe des BLAST-Programms nach homologen Genen gesucht (Altschul et al. (1997) "Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25: 3389-3402).

Beispiel 11: Identifikation von Genen mittels Hybridisierung

10 Gensequenzen lassen sich zur Identifikation homologer oder heterologer Gene aus cDNA- oder genomischen Banken verwenden.

Homologe Gene (d.h. Vollängen-cDNA-Klone, die homolog sind, oder Homologe) lassen sich über Nukleinsäurehybridisierung unter Verwendung von beispielsweise cDNA-Banken isolieren: Je nach der Häufigkeit des Gens von Interesse werden
15 100000 bis zu 1000000 rekombinante Bakteriophagen plattiert und auf eine Nylon-membran überführt. Nach der Denaturierung mit Alkali wird die DNA auf der Membran z.B. durch UV-Vernetzung immobilisiert. Die Hybridisierung erfolgt bei hochstringenten Bedingungen. In wässriger Lösung werden die Hybridisierung und die Waschschr
20 bei einer Ionenstärke von 1 M NaCl und einer Temperatur von 68°C durchgeführt. Hybridisierungs- und Waschschronden wurden z.B. durch Markierung mittels radioaktiver (32P) Nick-transkription (High Prime, Roche, Mannheim, Deutschland) hergestellt. Die Signale werden mittels Autoradiographie nachgewiesen.

Partiell homologe oder heterologe Gene, die verwandt, aber nicht identisch sind, lassen sich analog zum oben beschriebenen Verfahren unter Verwendung niedrig-stringenter Hybridisierungs- und Waschbedingungen identifizieren. Für die wässrige
25 Hybridisierung wurde die Ionenstärke gewöhnlich bei 1 M NaCl gehalten, wobei die Temperatur nach und nach von 68 auf 42°C gesenkt wurde.

Die Isolierung von Gensequenzen, die nur zu einer einzelnen Domäne von beispielsweise 10 bis 20 Aminosäuren Homologien aufweisen, läßt sich unter Verwendung synthetischer, radioaktiv markierter Oligonukleotidsonden durchführen.
30 Radioaktiv markierte Oligonukleotide werden mittels Phosphorylierung des 5'-Endes zweier komplementärer Oligonukleotide mit T4-Polynukleotidkinase hergestellt. Die komplementären Oligonukleotide werden aneinander hybridisiert und ligiert, so dass Konkatemere entstehen. Die doppelsträngigen Konkatemere werden beispielsweise durch Nicktranskription radioaktiv markiert. Die Hybridisierung erfolgt gewöhnlich
35 bei niedrig-stringenten Bedingungen unter Verwendung hoher Oligonukleotidkonzentrationen.

Oligonukleotid-Hybridisierungslösung:

- 6 x SSC
- 0,01 M Natriumphosphat
- 1 mM EDTA (pH 8)
- 5 0,5% SDS
- 100 µg/ml denaturierte Lachssperma-DNA
- 0,1% fettarme Trockenmilch

- 10 Während der Hybridisierung wurde die Temperatur schrittweise auf 5-10°C unter die berechnete Oligonukleotid-T_m oder bis auf Raumtemperatur bedeutet RT = 23°C in allen Experimenten, wenn nicht anders angegeben) gesenkt, gefolgt von Wasch-
- 15 schritten und Autoradiographie. Das Waschen wurde mit extrem niedriger Stringenz durchgeführt, zum Beispiel 3 Waschschritte unter Verwendung von 4 x SSC. Weitere Einzelheiten sind wie von Sambrook, J., et al. (1989), „Molecular Cloning: A Laboratory Manual“, Cold Spring Harbor Laboratory Press, oder Ausubel, F.M., et al. (1994) „Current Protocols in Molecular Biology“, John Wiley & Sons, beschrieben.

Beispiel 12: Isolierung und Klonierung eines Volllängenkons für LPAAT aus Thraustochytrium**Durchmustern einer cDNA-Bank von Thraustochytrium**

- 20 Entsprechend unter Beispiel 9 beschrieben, wurde eine cDNA Bank von Thraustochytrium erstellt. Im nächsten Schritt wurde die Phagenbank nach Herstellerangaben mittels eines Helferphagen in eine Plasmidbank umgesetzt. Die Plasmidbank wurde auf LB-Medium, 0,8 % Agar, 100 mg/ L Ampicillin ausplattiert und inkubiert. Gewachsene Bakterienkolonien wurden zufällig ausgewählt, in Flüssigmedium (LB, 100 mg/ L Ampicillin) angezogen und wie in Beispiel 10 beschrieben, einer Sequenzierung unter-
- 25 worfen.

- Die erhaltenen Sequenzen wurden nach Redundanzen durchsucht und diese entfernt. Dadurch konnte ein Sequenzsortiment erhalten werden, dass ein Unigen-Set beschreibt. Dieses Sequenz-Set wurde in die Pedant-Datenbank (Biomax AG, Martinsried, Deutschland) eingelesen. Mittels BLAST Analyse anhand von konservierten
- 30 Bereichen innerhalb von Acyltransferasen wurde ein kurzes Sequenzstück mit niedriger Ähnlichkeit zu bekannten Acyltransferasen gefunden. Die vorhandene Sequenzinformation wurde verwendet, um Primer zu generieren (LPAAT069-5' und LPAAT069-3'). Mit diesem Fragment wurde dann in der cDNA-Bank nach einem Volllänge-Klon gesucht (Tabelle8).

Tabelle 8: Sequenzen der eingesetzten Primer;

Die Schmelztemperatur T_m (°C) der Oligonukleotide wurde nach Suggs et al. (1981) berechnet: T_m (°C) = 4 (G+C) + 2 (A+T) T_m -Werte in Klammern beziehen sich auf tatsächlich bindende Nukleotide von Primern, deren Enden durch zusätzlich eingeführte Schnittstellen modifiziert wurden.

5

Primer	Sequenz	T_m (°C)
LPAAT069-5'	5'-GCT ACA TTG CCA TGG AGC-3'	56
LPAAT069-3'	5'-GCT ACA AGA GGT CAG GTC G-3'	59
ACtrau-5'	5'-CTG GAT CCA TGA GCG CGT GGA CGA G-3'	69 (52)
ACtrau-3'	5'-TTG GAT CCC AAG AGG TCA GGT CGG A-3'	66 (54)
ACtrau-3' stop	5'-TTG GAT CCC TAC AAG AGG TCA GGT CG-3'	66 (48)
YES-HIS-5'	5'-CTG AGC TCA TGA GCG CGT GGA G-3'	69 (56)
YES-HIS-3'	5'-ATG GAT CCG TGA TGG TGA TGG TGA TGC AAG AGG TC-3'	72 (40)

Bei den PCR-Experimenten wurden die unten angegebenen Bestandteile eines PCR-Standardansatzes auf Eis in ein PCR-Reaktionsgefäß pipettiert, in den Thermoblock gestellt und das unten dargestellte Temperaturprofil gestartet. Als Polymerase wurde in fast allen Fällen die Taq-Polymerase (Gibco BRL) eingesetzt. Lediglich bei Amplifikationen im Rahmen der funktionalen Expression in *E. coli* JC201 wurde die Pfu-Polymerase (Stratagene) verwendet. Die Zugabe der Polymerase erfolgte bei allen Experimenten über einen sogenannten "Heißstart", bei dem das Enzym erst nach 5 min Denaturierung des DNA-Templates zugegeben wird. Die Annealingtemperaturen (T_a) wurden 3-5°C unter der mittleren Schmelztemperatur T_m der Primerpaare gewählt.

10

15

PCR-Standardansatz (für Taq-Polymerase)

5 µl 10 x PCR-Puffer (100 mM Tri-HCl, pH 8,3; 15 mM MgCl₂, 500 mM KCl)
 1 µl dNTP-Mix (10 mM dATP, dGTP, dTTP u. dCTP)
 1 µl Primer 1 (30 µM)
 1 µl Primer 2 (30 µM)
 1 U Taq-Polymerase
 50-100 ng Plasmid-DNA-Template
 mit Aqua dest. auf 50 µl auffüllen

20

25

Heißstartprogramm

1. Denaturierung 95°C, 5 min
 2. Heißstart 25°C, 3 min → Zugabe der Polymerase
 3. Denaturierung 94°C 30 s
 - 5 4. Annealing $T_m - 5^\circ\text{C}$, 30 s
 5. Polymerisation 72°C, 1 - 3 min (für 1,0 kbp ca. 60 s)
- Die Schritte 3. bis 5. wurden 25 bis 30 mal zyklisch wiederholt.
6. Polymerisation 72°C, 5 min
 7. Termination 4°C

10 a) Nichtradioaktive Markierung von DNA

- DNA-Sonden wurden nichtradioaktiv mit dem "PCR DIG PROBE SYNTHESIS KIT" (Boehringer Mannheim) markiert. Dabei wurden DNA-Fragmente in einer PCR-Reaktion mit Digoxigenin-markierten Desoxyuridintriphosphat (DIG-dUTP) markiert.
- 15 Die Detektion erfolgte anschließend mittels eines Anti-Digoxigenin-Antikörpers, der mit alkalischer Phosphatase konjugiert ist, und Zugabe von Chemilumineszenz- oder Farbsubstraten.

- Um Hintergrundsignale zu vermeiden, die auf Vektorsequenzen zurückzuführen sind, wurde für die PCR-Markierung zunächst in einer ersten PCR mit unmarkierten dNTPs die gewünschte DNA amplifiziert, das lineare Fragment über ein Agarosegel gereinigt und als Template für die eigentliche PCR-Markierung benutzt, bei der wieder das Primerpaar der ersten PCR eingesetzt wurde. Die Durchführung der Markierungsreaktion richtete sich nach den Angaben des Herstellers. Die gewählten Primer-
- 20 kombinationen sind in der folgenden Tabelle zusammengefasst.

Primer	Sequenz
LPAAT069-5'	5'- GCT ACA TTG CCA TGG AGC -3'
LPAAT069-3'	5'- GCT ACA AGA GGT CAG GTC G -3'

b) Screening einer cDNA-Bank

- 30 Zur Isolation eines vollständigen Klons wurde eine Thraustochytrium cDNA-Bank (in λ TriplEx2) mit der DIG-markierten Sonde abgesucht. Die Erstellung der Sonde erfolgte mit den Primern LPAAT069-3' und LPAAT069-5, abgeleitet von dem EST-Klon s_t002038069 bekannten cDNA-Sequenz die möglicherweise für eine LPAAT aus Thraustochytrium kodiert.
- 35 Es wurden je 5×10^4 Plaques auf 10 große NZY-Platten, entsprechend den Angaben des Herstellers (Stratagene) ausplattiert. Für den Transfer der Phagen auf Nitrocellulose-Filter (HybondTM-C, Amersham) wurden die Filter 1 min auf die Platten gelegt und

ihre genaue Lage durch 3 Einstiche mit einer Kanüle markiert. Anschließend wurden die Filter mit der Abdruckseite nach oben zunächst 5 min mit Denaturierungs-Lösung, dann 5 min mit Neutralisierungs-Lösung und schließlich 15 min mit 2 x SSC-Lösung behandelt. Dies erfolgte auf 3 Bögen Whatman 3 MM Papier, die mit den Lösungen

5 getränkt waren. Nach fünfminütigem Trocknen der Filter wurde die DNA durch UV-Behandlung mit 0,12 Joule/cm² (UV-Crosslinker, Hoefer Scientific Instruments) fixiert. Hybridisierung und kolorimetrische Detektion erfolgten mit dem "Dig System für Filter Hybridisierung" von Boehringer (Mannheim) entsprechend den Angaben des He-

10 rstellers. Als Hybridisierungs-Puffer wurde Standard-Puffer verwendet, wobei die Hybridisierung in 80 ml Hybridisierungs-Puffer mit 15 µl des Sonden-PCR-Ansatzes durchgeführt wurde. Nach erfolgter Detektion wurden die genaue Lage der Signale sowie die drei Orientierungspunkte der Filter auf Plastikfolien übertragen, um mit diesen als Schablone die positiven Plaques auf den Platten zu identifizieren. Diese

15 wurden dann mit einem abgeflamten Korkbohrer (Durchmesser 5 mm) ausgestochen, in 1 ml SM-Puffer mit 20 µl CHCl₃ überführt und die Phagen aus den Agarstücken über Nacht bei 4°C eluiert. Ein exaktes Ausstechen der Plaques war durch deren hohe Dichte und geringe Größe kaum möglich. Daher werden in der Regel ein bis zwei "Rescreens" durchgeführt. In diesem Fall wurden die Phagenlysate mittels

20 PCR und den Primern LPAAT069-3' und LPAAT-5 auf Fragmente von ca. 570 bp untersucht. Dazu wurden Aliquots der Phagenlysate mit EDTA (Endkonzentration 10 mM) versetzt und daraus 1 µl für die PCR als Template eingesetzt. Mit positiven Lysaten wurden in-vivo-Exzisionen nach Angaben des "ZAP-cDNA® Gigapack® II Gold Cloning Kit" (Stratagene) durchgeführt, wobei von den infizierten SOLR-Zellen

25 statt der angegebenen 10-50 µl nur 2µl auf LB-Amp-Platten ausplattiert und über Nacht bei 37°C inkubiert wurden. Die Plasmide der erhaltenen Kolonien wurden direkt mittels PCR und den Primern LPAAT-3' und LPAAT-5' untersucht. Dazu wurden "Pools" erstellt, indem je 6 Kolonien mit sterilen Zahnstochern in einem Eppendorfreaktionsgefäß in 20 µl Aqua dest. eingegeben wurden, 3 x eingefroren und wieder aufgetaut, um die Zellen zu lysieren, 5 min bei 14.000 x g zentrifugiert und vom Überstand 2 µl

30 als Template in die PCR-Reaktion eingesetzt. Positive "Pools" wurden vereinzelt, die Plasmide über Plasmid-Minipräparationen isoliert und über PCR, Restriktionsanalysen sowie DNA-Sequenzierungen analysiert.

Schließlich wurde ein Volllängenklon für LPAAT aus Thraustochytrium identifiziert, dessen DNA-Sequenz in SEQ ID NO:1 dargestellt ist. Die abgeleitete Aminosäure-

35 sequenz ist in SEQ ID NO:2 gezeigt.

NZY-Medium (pro Liter, NZY-Platten mit 15 g Agar)

- 5 g NaCl
- 5 g Hefeextrakt
- 10 g NZ-Amin (Caseinhydrolysat)
- 5 pH 7,5 (NaOH)
- 2 g MgSO_4 (sterilfiltriert)

Denaturierungs-Lösung

- 0,5 M NaOH
- 1,5 M NaCl

10 Neutralisierungs-Lösung

- 1,0 M Tris-HCl, pH 7,5
- 1,5 M NaCl

20 x SSC

- 3,0 M NaCl
- 15 0,3 M Natriumcitrat, pH 7,0

Standard-Puffer

- 5 x SSC
- 0,1% (w/v) N-Laurylsarcosin
- 0,02% (w/v) SDS
- 20 1% Blocking Reagents

SM-Puffer (pro Liter)

- 5,8 g NaCl
- 2, g MgSO_4
- 50 ml 1 M Tris-HCl, pH 7,5
- 25 5 ml 2% Gelatine

Beispiel 13: Isolierung und Klonierung von Vollängenklonen für PUFA spezifische Acyltransferasen aus *Physcomitrella patens*, *Mortierella alpina* und *Shewanella hanedai*

- 30 Wie unter Beispiel 8 und 9 beschrieben, wurde aus *Physcomitrella patens* und *Mortierella alpina* RNA isoliert und eine cDNA-Bank hergestellt.

Im nächsten Schritt wurde die Phagenbank nach Herstellerangaben mittels eines Helferphagen in eine Plasmidbank umgesetzt. Die Plasmidbank wurde auf LB-Medium, 0,8 % Agar, 100 mg/ L Ampicillin ausplattiert und inkubiert. Gewachsene Bakterien-

kolonien wurden zufällig ausgewählt, in Flüssigmedium (LB, 100 mg/ L Ampicillin) angezogen und wie in Beispiel 10 beschrieben, einer Sequenzierung unterworfen.

Die erhaltenen Sequenzen wurden nach Redundanzen durchsucht und diese entfernt. Dadurch konnte ein Sequenzsortiment erhalten werden, dass ein Unigen-Set beschreibt. Dieses Sequenz-Set wurde in die Pedant-Datenbank (Biomax AG, Martinsried, Deutschland) eingelesen. Mittels BLAST Analyse anhand von konservierten Bereichen innerhalb von Acyltransferasen wurden kurze Sequenzstücke mit niedriger Ähnlichkeit zu bekannten Acyltransferasen gefunden (Tabelle 9). Die vorhandene Sequenzinformation wurde verwendet, um Primer zu generieren (Tabelle 10). Mit diesen Primern konnten die Volllänge-Klone amplifiziert werden.

Für die Acyltransferase aus *Shewanella hanedai* wurde die öffentliche Datenbank von *Shewanella putrefaciens* MR1 (TIGR Datenbank <http://tigrblast.tigr.org/ufmg/>) nach Acyltransferasen durchsucht. Es konnte eine Sequenz in der Datenbank mit Homologie zu Acyltransferasen gefunden werden. Von dieser Sequenz wurde ein PCR-Fragment generiert mittels Standard-Primer T7 und T3. Das erhaltene Produkt wurde wie in Beispiel 10 a) und b) erläutert, markiert und zum Durchsuchen einer genomischen *Shewanella hanedai* Bank eingesetzt.

Genomische DNA aus *Shewanella hanedai* wurde nach folgendem Protokoll isoliert: Eine 100 ml Kultur wurde bis zu einer optischen Dichte von 1,0 bei 30°C angezogen. Davon wurden 60 ml abzentrifugiert bei 3000 xg für 3 min. Das Pellet wurde in 6 ml doppelt-destilliertem H₂O resuspendiert und auf 1,5 ml Gefäße verteilt, abzentrifugiert und der Überstand verworfen. Die Pellets wurden mit 200 µl Lösung A, 200 µL Phenol/Chloroform (1:1) und 0,3 g Glaskugeln durch Vortexen resuspendiert und lysiert. Nach Zugabe von 200 µl TE-Puffer pH 8,0 wurde für 5 min zentrifugiert. Der Überstand wurde einer Ethanol-fällung mit 1 ml Ethanol unterzogen. Das erhaltene Pellet nach Fällung wurde in 400 µL TE-Puffer pH 8,0 + 30 µg/mL RnaseA gelöst. Nach Inkubation für 5 min bei 37°C wurden 18 µL 3 M Natriumacetat-Lösung pH 4,8 und 1 mL Ethanol zugegeben und die präzipitierte DNA durch Zentrifugation pelletiert. Das DNA-Pellet wurde in 25 µL doppelt-destilliertem H₂O gelöst. Die Konzentration der genomischen DNA wurde durch deren Absorption bei 260 nm bestimmt.

Lösung A:

2 % Triton-X100

1 % SDS

0,1 M NaCl

5 0,01 M Tris-HCl pH 8,0

0,001 M EDTA

10 Die erhaltene genomische DNA wurde 1 Stunden bei 25 °C mit dem Restriktionsenzym Sau3A (New England Biolabs) nach Herstellerangaben inkubiert. Die erhaltene Fragmente wurden dann in einen mit BamHI verdautes pUC18 Plasmid mittels T4 Ligase (Roche) ligiert. Die erhaltene Bank wurde dann in gleicherweise wie in Beispiel 10 beschrieben, durchsucht. Es konnte ein Klon mit einem 1,7 kb grosses genomisches Fragment gefunden werden, der eine 687 bp lange codierende Sequenz mit Ähnlichkeit zu Acyltransferasen zeigt.

15 Die Sequenz aus *Shewanella hanedai* zeigt eine besonders hohe Ähnlichkeit zu der LPCAT aus *Chaenorabdidis elegans*. Die Ähnlichkeit der beiden Sequenzen auf Aminosäureebene beträgt 26 %.

Tabelle 9: Identifizierte Acyltransferase aus den genannten cDNA-Banken

Klon-Nr.	Organismus	Homologie zu
MaLPAAT1.1	<i>M. alpina</i>	LPAAT
MaLPAAT1.2	<i>M. alpina</i>	LPAAT
ShLPAAT	<i>S. hanedai</i>	LPAAT
T6	<i>Thrausto.</i>	LPAAT
pp004064045r	<i>P. patens</i>	LPAAT
pp020064227r	<i>P. patens</i>	LPAAT
pp015052144r	<i>P. patens</i>	GPAT/LPAT
pp004034225r	<i>P. patens</i>	GPAT
pp004104272r	<i>P. patens</i>	Ca-LPAAT
pp020018156r	<i>P. patens</i>	Ca-LPAAT
pp015034341r	<i>P. patens</i>	LPAAT
pp015033362r	<i>P. patens</i>	LCAT
Fg003028298	<i>Fusarium</i>	LCAT

Tabelle 10: Sequenzen der eingesetzten Primer;

Clone nr.	Organism	Primersequenz 5'-3' Orientierung	Länge in bp
MaLPAAT1.1	M. alpina	atggatgaatccaccacgacca tcagcccgatgcttgctgc	1254
MaLPAAT1.2	M. alpina	atgaaccctatctacaaggggt tcagcccgatgcttgctgc	1170
ShLPAAT	S. hanedai	atgttactgctagcatttgt ttactttgccattaagg	687
T6	Thrausto.	atgagcgcgtggacgagggc ctacaagaggtcaggtcggacgtaca	918
Pp00406404	P. patens	Atggctttgatgtatatctg ttacacgattttcttttag	714
Pp02006422	P. patens	atgctgatattacagcccttc ctaataaacaggaagaccgt	657
Pp01505214	P. patens	atgatccggattttcagag tcagtccgttttgccgaggt	444
Pp00403422	P. patens	atgccgtcgcgtgttcggg tcaatcagtcgcctgcttc	1305
Pp00410427	P. patens	atgctgatattacagcccttc ctaataaacaggaagaccgt	1566
Pp02001815	P. patens	atgaccagcacggaaaatac ctagatgtagtttcactc	1560
Pp01503434	P. patens	atgattatgatggaggtgctg tcagtccgttttgccgagg	1014
Pp01503336	P. patens	atgtgttcaatttctgtgg ttagtggaacataagctgtt	1503
Fg003028298	Fusarium	atgggaaagtccactttac ctatgaagtctcctcatcatcg	1893

Bei den PCR-Experimenten wurden die unten angegebenen Bestandteile eines PCR-Standardansatzes auf Eis in ein PCR-Reaktionsgefäß pipettiert, in den Thermoblock gestellt und das unten dargestellte Temperaturprofil gestartet. Als Polymerase wurde in fast allen Fällen die Taq-Polymerase (Gibco BRL) eingesetzt. Lediglich bei Amplifikationen im Rahmen der funktionalen Expression in *E. coli* JC201 wurde die Pfu-Polymerase (Stratagene) verwendet. Die Zugabe der Polymerase erfolgte bei allen Experimenten über einen sogenannten "Heißstart", bei dem das Enzym erst nach 5 min Denaturierung des DNA-Templates zugegeben wird. Die Annealingtemperaturen (T_a) wurden 3-5°C unter der mittleren Schmelztemperatur T_m der Primerpaare gewählt.

PCR-Standardansatz (für Taq-Polymerase)

- 5 μ l 10 x PCR-Puffer (100 mM Tri-HCl, pH 8,3; 15 mM MgCl₂, 500 mM KCl)
 1 μ l dNTP-Mix (10 mM dATP, dGTP, dTTP u. dCTP)
 1 μ l Primer 1 (30 μ M)
 5 1 μ l Primer 2 (30 μ M)
 1 U Taq-Polymerase
 50-100 ng Plasmid-DNA-Template
 mit Aqua dest. auf 50 μ l auffüllen

Heißstartprogramm

- 10 1. Denaturierung 95°C, 5 min
 2. Heißstart 25°C, 3 min → Zugabe der Polymerase
 3. Denaturierung 94°C 30 s
 4. Annealing T_m-5°C, 30 s
 5. Polymerisation 72°C, 1 - 3 min (für 1,0 kbp ca. 60 s)
 15 Die Schritte 3. bis 5. wurden 25 bis 30 mal zyklisch wiederholt.
 6. Polymerisation 72°C, 5 min
 7. Termination 4°C

GSP: TCT CTT TTT CGT GCT GCT CCA GCC GAT (Are 297)

PCR-Programm: 10min. 95°C

- 20 1min. 95°C (40 Cycles)
 1min. 65°C
 2min. 72°C
 10min. 72°C Pause 4°C

PCR-Maschine: Biometra Trio Thermoblock

- 25 Zunächst PCR auf der RACE-Bank Moos mit AP1 und GSP, bei richtiger Größe PCR mit nested AP2 und GSP, positive werden in pCRII-TOPO-TA Cloning Vector für Sequenzierung kloniert.

Beispiel 14: Expression von Thraustochytrium LPAAT (ThLPAAT) in Hefe

- 30 Um die Funktionalität von ThLPAAT nachzuweisen, wurde in einem ersten Ansatz der kodierende Bereich der cDNA in einem Hefe-Expressionsvektor kloniert und in *S. cerevisiae* exprimiert. Die in der Hefe produzierte LPAAT sollte zugesetzte über Acyltransferase-Aktivität in mikrosomalen Fraktionen nachgewiesen werden.

- 35 Sämtliche Fest- und Flüssigmedien für Hefe wurden nach Protokollen von Ausubel et al. (Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, 1995) hergestellt.

Die ThLPAAT-cDNA wurde über Restriktionsverdau mit HindIII/BamHI aus dem Vektor pGEM-T ausgeschnitten, in den HindIII/BamHI geschnittenen shuttle-Vektor pYES2 (Invitrogen, Carlsbad, USA) kloniert und der so entstandene Vektor pYES2-ThLPAAT in *E. coli* XL1 blue transformiert. pYES2-ThLPAAT wurde mit Hilfe der LiAc-Methode in *S. cerevisiae* INCS_c1 (Invitrogen, Carlsbad, USA) transformiert, wo die Expression der ThLPAAT-cDNA unter der Kontrolle des GAL1-Promotors stand.

Die Expression von ThLPAAT in *S. cerevisiae* INVSc1 erfolgte modifiziert nach Avery et al. (Appl. Environ. Microbiol., 62, 1996: 3960–3966) und Girke et al. (The Plant Journal, 5, 1998: 39–48). Um eine Starterkultur herzustellen, wurden 20 ml SD-Medium mit Glucose und Aminosäurelösung ohne Histidin mit einer Hefe-Einzelkolonie angeimpft und über Nacht bei 30 °C bei 140 rpm inkubiert. Die Zellkultur wurde zwei mal gewaschen durch Abzentrifugieren und Resuspendieren in SD-Medium ohne Supplemente und ohne Zucker. Mit den gewaschenen Zellen wurde eine Hauptkultur auf eine OD₆₀₀ von 0,1 bis 0,3 angeimpft. Die Anzucht der Hauptkultur erfolgte in 25 ml SD-Medium mit 2 % (w/v) Galaktose, Aminosäurelösung ohne Histidin, 0,02 % Linolsäure (2%ige Stammlösung in 5 % Tergitol NP40), 10 % Tergitol NP40 72 h lang bei 30°C. Die Ernte der Hauptkultur erfolgte über Zentrifugation. Das Zellpellet wurde bei –20°C eingefroren und anschließend für ca. 18 h lyophilisiert.

20 Nach Expression des Konstruktes pYES2-ThLPAAT in Hefe konnte kein aktives Protein gereinigt werden. Auch die subzellulären Fraktionen aus den verschiedenen transgenen Zellen zeigten keine höheren LPAAT-Aktivitäten als die entsprechenden Kontrollfraktionen.

25 Zur Erhöhung der Löslichkeit des exprimierten Proteins wurde ein weiteres Konstrukt pDest15-GST-ThLPAAT (pDest15-Vektor von Invitrogen) über die Gateway-Reaktion erstellt. Dazu wurden nach Herstellerangaben folgende Primer synthetisiert:

5'-Primer att1ThLPAAT:

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCCATGAGCGCGTGGACGAGGGCC

3'-Primer att2ThLPAAT:

30 GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCTAGTGGTGGTGGTGGTGCAA-
GAGGTCAGGTCGGACGTAC

Mit diesen Primern wurden folgende PCR-Reaktion durchgeführt:

PCR-Standardansatz (für Taq-Polymerase)

- 5 μ l 10 x PCR-Puffer (100 mM Tris-HCl, pH 8,3; 15 mM MgCl₂, 500 mM KCl)
1 μ l dNTP-Mix (10 mM dATP, dGTP, dTTP u. dCTP)
5 1 μ l Primer 1 (30 μ M)
1 μ l Primer 2 (30 μ M)
1 U Taq-Polymerase
50-100 ng pYES2-ThLPAAT
mit Aqua dest. auf 50 μ l auffüllen
10 PCR-Programm: 2min. 95°C
1 min. 95°C (30 Cycles)
1 min. 65°C
2 min. 72°C
15 10 min. 72°C Pause 4°C
PCR-Maschine: Biometra Trio Thermoblock

- Das PCR-Product wurde per Gateway-Reaktion (BP-Reaktion; Invitrogen) nach
Herstellerangaben in den Vektor pDONOR221 transferiert und die Sequenz durch
20 Sequenzierung überprüft. In einem nächsten Schritt wurde die ThLPAAT-Sequenz
dann durch die LR-Reaktion in den Vektor pDES15 übertragen und zur Expression
in *E. coli* BL21 Zellen eingesetzt. Die ThLPAAT-Sequenz wurde entsprechend der
Herstellerangaben (Invitrogen) an den offenen Leserahmen der im Plasmid codierten
Glutathion-S-Transferase (GST) angehängt. Dadurch konnte ein Fusionsprotein aus
25 GST und ThLPAAT erzeugt werden.

Nach Expression unter Standardbedingungen in *E. coli* konnte exprimiertes Protein
nachgewiesen werden (Fig. 21A) und dieses über eine Glutathion-Säule gereinigt
werden.

- Das gereinigte Fusionsprotein zeigte LPAAT Aktivität, wie in Fig. 21B gezeigt. Die
30 höchste Aktivität konnte dabei für DHA-CoA (22:6) erhalten werden, was eine Nutzung
dieser Acyltransferase zur Herstellung von PUFA ermöglicht.

- Figur 21 A zeigt die Western-Blot-Analysen der in *E. coli* als Fusionsprotein (LPAAT-
FP) mit N-terminalem GST- und C-terminalem His-tag exprimierten *Thraustochytrium*-
LPAAT (Spuren E: 7 μ g lösliche Proteinfraction, Spur M: Größenstandard). Figur 21 B
35 zeigt die Acyl-CoA-Spezifität der als GST-Fusionsprotein exprimierten *Thrausto-*
chytrium-LPAAT in *E. coli*. Die Enzymtests wurden mit 0,4 μ g löslicher Proteinfraction
in Gegenwart von 100 mM Tricine-NaOH (pH 8,2), 30 μ M 1-Oleoyl-[U-¹⁴C]glycerin-3-
phosphat und steigenden Konzentrationen der angegebenen Thioester ermittelt.

Beispiel 15: Expression von Shewanella-LPAAT

Zur Klonierung eines LPAAT-Gens aus dem prokaryoten Organismus *Shewanella* wurde die genomische DNA aus *Shewanella haredai* isoliert, partiell mit Sau3a verdaut und in den Vektor pUC18 ligiert. Diese genomische Bank wurde mittels PCR unter Verwendung verschiedener Primerkombinationen auf LPAAT-Gene abgesucht. Mit dieser Methode ist es gelungen, einen 1486 bp langen Klon zu identifizieren, dessen offener Leserahmen ein 25,2 kDa LPAAT-Protein kodiert. Die ShLPAAT-Sequenz wurde gemäß Herstellerangaben in den Vektor pQE70 (Qiagen) eingebracht. Die so entstandenen Plasmid pQE70-Sh und pQE70-ShHis sowie der Leervektor pQE70 wurden in *E. coli* BL21 Zellen transformiert und bei 10 °C exprimiert (Figur 22 A). Nur bei dieser Temperatur konnte aktives Protein erhalten werden (Figur 22 B). Für die weiteren Versuche wurden dazu die Membranfraktionen verwendet. Diese Fraktion zeigten mit beiden Expressionsformen hohe Aktivität gegenüber dem Einbau von DHA-CoA (22:6-CoA). Die hohe Einbaurate gegenüber PUFA Acyl-CoA-Resten ist für die Verwendung zur Herstellung von PUFA notwendig.

Figur 22 A: zeigt die Western-Blot-Analyse der in *E. coli* als Fusionsprotein mit C-terminalen His-tag exprimierten *Shewanella*-LPAAT. (Spur E: 7 µg Einschlusskörperfraktion, Spur F: 7 µg Membranfraktion, Spur M: Größenstandard). Figur 22 B: gibt die funktionale Expression der *Shewanella*-LPAAT in *E. coli*. Enzymtests wieder. Die Assays wurden mit Extrakten (1 µg) aus *E. coli*, die den Leervektor (pQE70) oder ein *Shewanella*-Konstrukt ohne (pQE-Sh) bzw. mit His-Tag-Sequenz am 3'-Ende (pQE-ShHis) enthielten, in Gegenwart von 30 µM 1-Oleoyl-[U-¹⁴C]glycerin-3-phosphat und 30µM der angegebenen Thioster durchgeführt.

Beispiel 16: Expression von Mortierella LPAAT (MaLPAAT, MaB4) in Hefe

Die MaLPAAT-cDNA wurde über PCR mit den angegebenen Primern MaLPAAT2.1 amplifiziert, das PCR Produkt in den Vektor pENTR-SD-D-TOPO (Invitrogen, Carlsbad, USA) nach Herstellerangaben kloniert und in *E. coli* XL1 blue transformiert. Aus dem so entstandenen Vektor pENTR-SD-D-MaLPAAT wurde über Gateway-Reaktion nach Herstellerangaben (Invitrogen, Carlsbad, USA) das MaLPAAT Fragment in den Vektor pYES54Dest transferiert, resultierend in dem Vektor pYES52Dest-MaLPAAT. PY-ES52Dest-MaLPAAT wurde mit Hilfe der LiAc-Methode in *S. cerevisiae* INCScl (Invitrogen, Carlsbad, USA) transformiert.

Hefezellen, die mit dem Plasmid pYES52Dest-MaLPAAT transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

Hefekolonien, die auf Minimalmedium ohne Uracil nach der Transformation wachsen konnten, wurden erneut auf Minimalmedium ohne Uracil ausgestrichen und dann auf flüssigem Minimalmedium bis zu einer OD600 von 0,8 gezogen. Aus dieser Vorkultur wurde dann die Hauptkultur inokuliert, die neben dem Minimalmedium noch 2 % (w/v) Galaktose sowie 250 µM der Fettsäuren beinhaltet. Nach 24 h Inkubation der Hauptkultur bei 30 °C wurden die Zellen durch Zentrifugation (100 x g, 10 min, 20°C)

geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C
5 inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrol-
ether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen
Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen.
Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft
und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule
10 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromato-
graphen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-
Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer
Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit
15 entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma).

Die Methodik ist zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766;
Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling
et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998,
FEBS Letters. 439(3):215-218 beschrieben.

20 In Figur 23 sind die Ergebnisse der Fütterungsversuche mit den Hefezellen, die das
Plasmid pYES52Dest-MaLPAAT (MaB4_AT) enthalten, gezeigt. In Fig. 23, A/B wurden
die Hefe-Kulturen mit Linolsäure (18:2 Δ⁹,12) gefüttert. Im Vergleich zu der Kontroll-
Kultur (Fig. 23, A) zeigten die Hefezellen mit der MaLPAAT deutlich höhere Um-
setzung (4fach erhöht) von 18:2 zu γ-Linolensäure (18:3 Δ⁶,9,12), sowie eine 3,5fache
25 Erhöhung der aus 18:2 elongierten Fettsäure 20:2 Δ¹¹,14. Entsprechend konnte bei
der Fütterung mit Linolensäure (18:3 Δ⁹,12,15) eine deutlich höhere Umsetzung zu
Stearidonsäure (18:4 Δ⁶,9,12,15) und iso-Arachidonsäure (20:4 Δ⁸,11,14,17) im
Vergleich zu den Kontrollen beobachtet werden (Figur 24).

Neben dieser Aktivität konnte in beiden Fütterungsexperimenten eine verstärkte
30 Umsetzung von 16:1 Δ⁹ (endogene Fettsäure in Hefe) zu cis-Vakzensäure (18:1 Δ¹¹)
beobachtet werden.

Figur 25 und Figur 26 zeigen, dass die beobachteten erhöhten Umsetzungen der
Substrate durch die Desaturase und Elongase auch zu einer Erhöhung der polyunge-
sättigten Fettsäuren in den Neutrallipid (Öl) führt. Nach Fütterung der Hefen mit Linol-
bzw. Linolensäure wurden die Hefezellen in Chloroform:Methanol (2:1) extrahiert und
auf eine Silica-Dünnschichtplatte (Machery&Nagel, Düren) aufgetragen. Die Dünns-
schichtplatte wurde in einer Kammer mit Chloroform-Methanol-H₂O (65:25:4) für
45 min inkubiert. Die Neutrallipide (Triacylglyceride) wandern dabei mit der Lösungs-
mittelfront. Nach Ende der Inkubation wurden die Neutrallipide von der Platte abge-
kratzt, mit Chloroform:Methanol extrahiert und durch Gas-Chromatographie analysiert.
40

Deutlich kann die Erhöhung des Umsatzes an PUFA's, die in den Gesamtextrakten beobachtet wurde, auch in den Neutrallipiden verfolgt werden. Für die Fütterung mit Linolsäure (Fig. 25 A und B) konnte eine 2fache Steigerung der Umsetzung von Linolsäure zu γ -Linolensäure (18:3 Δ 6,9,12) und eine 3fache Erhöhung des Gehalts an 20:2 Δ 9,12 beobachtet werden. Bei der Fütterung mit Linolensäure (Fig. 26, C und D) wurden ähnliche Werte erhalten (Umsetzung von 18:3 zu 18:4 3fach, von 18:3 zu 20:3 3fach).

Damit konnte gezeigt werden, dass die Erhöhung des Gehaltes an PUFA durch die MalPAAT zu einer Erhöhung der PUFAs im Öl (Neutrallipide) der Hefen führt.

10 Beispiel 16: Plasmide für die Pflanzentransformation

Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR verwendet werden (Höfgen und Willmitzer (1990) Plant Science 66: 5221-230). Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet sich 3' von der cDNA.

Die gewebespezifische Expression läßt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der Napin- oder der LeB4- oder der USP-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische Promotorelement kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanzen läßt sich der CaMV-35S-Promotor verwenden. Das exprimierte Protein kann unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode (1996) Crit. Rev. Plant Sci. 15: 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

Beispiel 17: Transformation von Agrobacterium

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann z.B. unter Verwendung des GV3101- (pMP90-) (Koncz und Schell (1986) Mol. Gen. Genet. 204: 383-396) oder LBA4404- (Clontech) Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (Deblaere et al. (1984) Nucl. Acids. Res. 13: 4777-4788).

Beispiel 18: Pflanzentransformation und Expression von PUFA-spezifischen Acyltransferasen in Pflanzen

Die Expression von LCPUFA-spezifischen Acyltransferasen in transgenen Pflanzen ist vorteilhaft, um den LCPUFA-Gehalt in diesen Pflanzen zu erhöhen. Dazu wurden die erfindungsgemäßen Acyltransferase-cDNAs in binäre Vektoren kloniert und über Agrobacterium-vermittelten DNA-Transfer in Arabidopsis thaliana, Nicotiana tabacum, Brassica napus und Linum usitatissimum übertragen. Die Expression der Acyltrans-

ferase cDNA stand dabei unter der Kontrolle des konstitutiven CaMV 35 S-Promotors bzw. des samenspezifischen USP-Promotors.

5 Besonders bevorzugt sind hierbei transgene Pflanzen, die bereits die für Synthese von LCPUFAs notwendigen Desaturasen und Elongasen exprimieren und geringe Mengen dieser LCPUFAs herstellen.

10 Als Expressionsvektoren wurden der Vektor pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science, 66, 1990: 221 - 230) bzw. das pBinAR Derivat pBinAR-USP, bei dem der CaMV 35 S-Promotor gegen den USP-Promotor aus *V. faba* ausgetauscht war, verwendet. Ebenfalls verwendet wurden die Vektoren pGPTV und pGPTV-USP. Zur Umklonierung mußte die CalDes-cDNA aus dem Vektor pGEM-T ausgeschnitten und in pBinAR bzw. pBinAR-USP kloniert werden. Ein weiterer verwendeter binärer Vektor war pSUN.

15 Die entstandenen binären Vektoren mit Acyltransferasegenen wurden in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert (Höfgen und Willmitzer, Nucl. Acids Res., 16, 1988: 9877). Die Transformation von *A. thaliana* erfolgte mittels "floral dip" (Clough und Bent, Plant Journal, 16, 1998: 735 - 743), die von *N. tabacum* über Cokultivierung von Tabakblattstückchen mit transformierten *A. tumefaciens* Zellen, die von Lein und Raps durch Cokultivierung von Hypokotylstücken mit transformierten *A. tumefaciens* Zellen.

20 Die Expression der Acyltransferase-Gene in transgenen Arabidopsis-, Tabak-, Raps- und Leinpflanzen wurde über Northern-Blot Analyse untersucht. Ausgewählte Pflanzen wurden auf ihren Gehalt an Punicinsäure bzw. anderen konjugierten Fettsäuren wie CLA im Samenöl untersucht.

Analog zum USP-Promotor kann auch der Napin-Promotor verwendet werden, um eine samenspezifische Expression von PuFADX und PuFAD12 zu erreichen.

25 Die *Agrobacterium*-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerationstechniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, B. Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

30 Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyltransformation transformiert werden (Moloney et al., Plant Cell Report 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989) 694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die *Agrobacterium*- und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation verwendeten binären Vektor und *Agrobacterium*stamm ab. Die Rapsselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt. Der *Agrobacterium*-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum usitatissimum*) läßt sich unter

Verwendung von beispielsweise einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13: 282-285 beschriebenen Technik durchführen.

- Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispielsweise einer in EP-A-O 0424047 (Pioneer Hi-Bred International) oder in EP-A-O 0397687, 5 US 5,376,543, us 5,169,770 (University Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden. Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchenbeschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise beschrieben von Freeling und Walbot "The maize hand-book" (1993) ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

- 10 Beispiel 19: Untersuchung der Expression eines rekombinanten Genproduktes in einem transformierten Organismus

Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten Wirtsorganismus wurde auf der Transkriptions- und/oder der Translationsebene gemessen.

- Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an Transkription des Gens 15 (ein Hinweis auf die Menge an RNA, die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht) ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt (als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York, oder den oben erwähnten Beispielteil) wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren Markierung 20 (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Information zeigt den Grad der Transkription des trans- 25 formierten Gens an. Zelluläre Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren Verfahren, die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel das von Bormann, E.R., et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326 beschriebene, präpariert werden.

Northern-Hybridisierung:

- 30 Für die RNA-Hybridisierung wurden 20 µg Gesamt-RNA oder 1 µg poly(A)⁺-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit einer Stärke von 1,25% unter Verwendung von Formaldehyd, wie beschrieben in Arnasio (1986, Anal. Biochem. 152, 304) aufgetrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10 x SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N⁺, Amersham, Braunschweig) übertragen, 35 mittels UV-Licht immobilisiert und 3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer (10% Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1% SDS, 100 mg Heringsperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland) erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von alpha-32P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die 40 Hybridisierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen Puffer bei

68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschritte wurden zweimal für 15 min unter Verwendung von 2 X SSC und zweimal für 30 min unter Verwendung von 1 X SSC, 1 % SDS, bei 68°C durchgeführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei -70°C für einen Zeitraum von 4 Stunden bis zu 3 Tagen durchgeführt.

- 5 Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamtproteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt, auf eine Matrix, wie Nitro-
- 10 zellulose, übertragen und mit einer

- Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen, die sich leicht nachweisen läßt. Das Vorliegen und die Menge der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge
- 15 des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

Beispiel 20: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

- Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen, Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt
- 20 werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d.h. von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie,

- 25 Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Bio-
- 30 chemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III:

- "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological
- 35 Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22) :12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) -16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

- 5
- 10 Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z.B. Zucker,
- 15 Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsgb.,
- 20 IRL Press, 10 S. 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

- 25 Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl. : Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-
- 30 Verfahren, Lipide 33:343-353).

- Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis
- 35 abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von

- Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack,
- 40 WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen.

Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester muss unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definiert werden.

- 5 Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

Äquivalente

- 10 Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in einem Organismus, dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

- 5 a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Lysophosphatid-säure Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 10 b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 15 c) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 20 d) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität codiert; oder
- 25 e) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lässt, oder
- 30 f) Einbringen mindestens eines Derivates der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10,
- 35

5 SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19,
 SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27,
 SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 -
 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und
 mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2,
 SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12,
 SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21,
 SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29,
 SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37
 10 aufweisen und eine äquivalente Lysophosphatidsäure Acyltransferase-
 Aktivität, Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität, Diacylglycerin
 Acyltransferase-Aktivität oder Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität
 aufweisen, und

g) kultivieren und ernten des Organismus.

- 15 2. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach Anspruch 1,
 dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich zu den unter (a) bis (f) genannten
 Nukleinsäuresequenzen weitere Nukleinsäuresequenzen in den Organismus
 eingebracht wurden, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels
 20 ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl
 carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-
 Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-
 Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n),
 Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-
 25 Acetylenase(n), Lipoxygenase(n), Triacylglycerol-Lipase(n), Allenoxid-
 Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n) codieren.
3. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach Anspruch 1
 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich zu den unter (a) bis (f) genann-
 ten Nukleinsäuresequenzen weitere Nukleinsäuresequenzen in den Organismus
 eingebracht wurden, die für Polypeptide codieren ausgewählt aus der Gruppe
 30 Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase,
 Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -9-Desaturase, Δ -12-Desaturase, Δ -5-Elon-
 gase, Δ -6-Elongase oder Δ -9-Elongase.
4. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den
 Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei den hergestellten
 35 mehrfach ungesättigten Fettsäuren um C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren
 handelt.
5. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den
 Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass die mehrfach ungesättigten
 Fettsäuren aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fett-
 40 säure isoliert werden.

6. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei den im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren um C₁₈-, C₂₀-, C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Molekül handelt.
- 5 7. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass im Verfahren eine mehrfach ungesättigte Fettsäure ausgewählt aus der Gruppe Dihomo-γ-linolensäure, Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure und Docosahexaensäure hergestellt wird.
- 10 8. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass der Organismus ein Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze ist.
9. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass der Organismus eine
15 transgene Pflanze ist.
10. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.
11. Isolierte Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe:
 - 20 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Sequenz,
 - 25 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
 - 30 c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18 oder SEQ ID NO: 20 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder
35 SEQ ID NO: 21 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15,

SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19 oder SEQ ID NO: 21 aufweisen und eine Lysophosphatidsäure Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

12. Isolierte Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe:

- 5 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 10 c) Derivate der in SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24 oder SEQ ID NO: 26 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25 oder SEQ ID NO: 27 aufweisen und eine Glycerin-3-phosphat Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

15 13. Isolierte Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Sequenz,
- 20 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- 25 c) Derivate der in SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31 oder SEQ ID NO: 33 aufweisen und eine Diacylglycerin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.

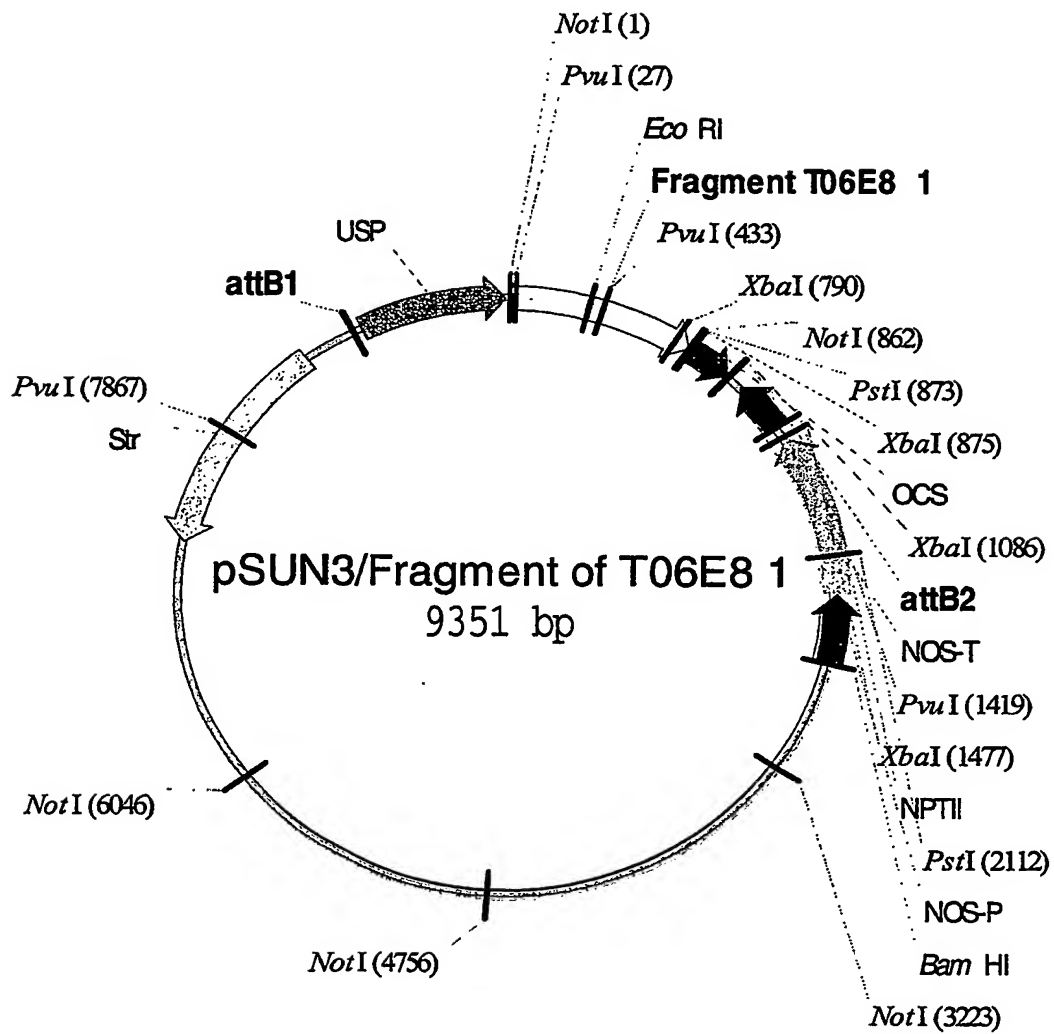
14. Isolierte Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Sequenz,
- 30 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen

- 5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 34 oder SEQ ID NO: 36 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 35 oder SEQ ID NO: 37 aufweisen und eine Lecithin Cholesterin Acyltransferase-Aktivität aufweisen.
15. Isolierte Nukleinsäuresequenz nach einem der Ansprüche 11 bis 14, wobei die Sequenz aus einem Eukaryont stammt.
- 10 16. Aminosäuresequenz, die von einer isolierten Nukleinsäuresequenz nach einem der Ansprüche 11 bis 14 codiert wird.
17. Genkonstrukt, enthaltend eine isolierte Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 11 bis 14, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen verbunden ist.
- 15 18. Genkonstrukt nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl - carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenase(n), Lipoxygenase(n), Triacylglycerol-Lipase(n), Allenoxid-Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n).
- 20 19. Genkonstrukt nach Anspruch 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe der Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -9-Desaturase, Δ -12-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase oder Δ -9-Elongase.
- 25 20. Vektor, enthaltend eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 11 bis 14 oder ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 17 bis 19.
- 30 21. Transgener nicht-humaner Organismus, enthaltend mindestens eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 11 bis 14, ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 17 bis 19 oder einen Vektor nach Anspruch 20.
- 35 22. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 21, wobei der Organismus ein Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze ist.

23. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 21 oder 22, wobei der Organismus eine Pflanze ist.
24. Öl, Lipide oder Fettsäuren oder eine Fraktion davon, hergestellt durch das Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 5 25. Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung, die mehrfach ungesättigter Fettsäuren hergestellt nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10 umfasst und von transgenen Pflanzen stammt.
- 10 26. Verwendung von Öl, Lipide oder Fettsäuren hergestellt nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10 oder Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung gemäß Anspruch 25 in Futter, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

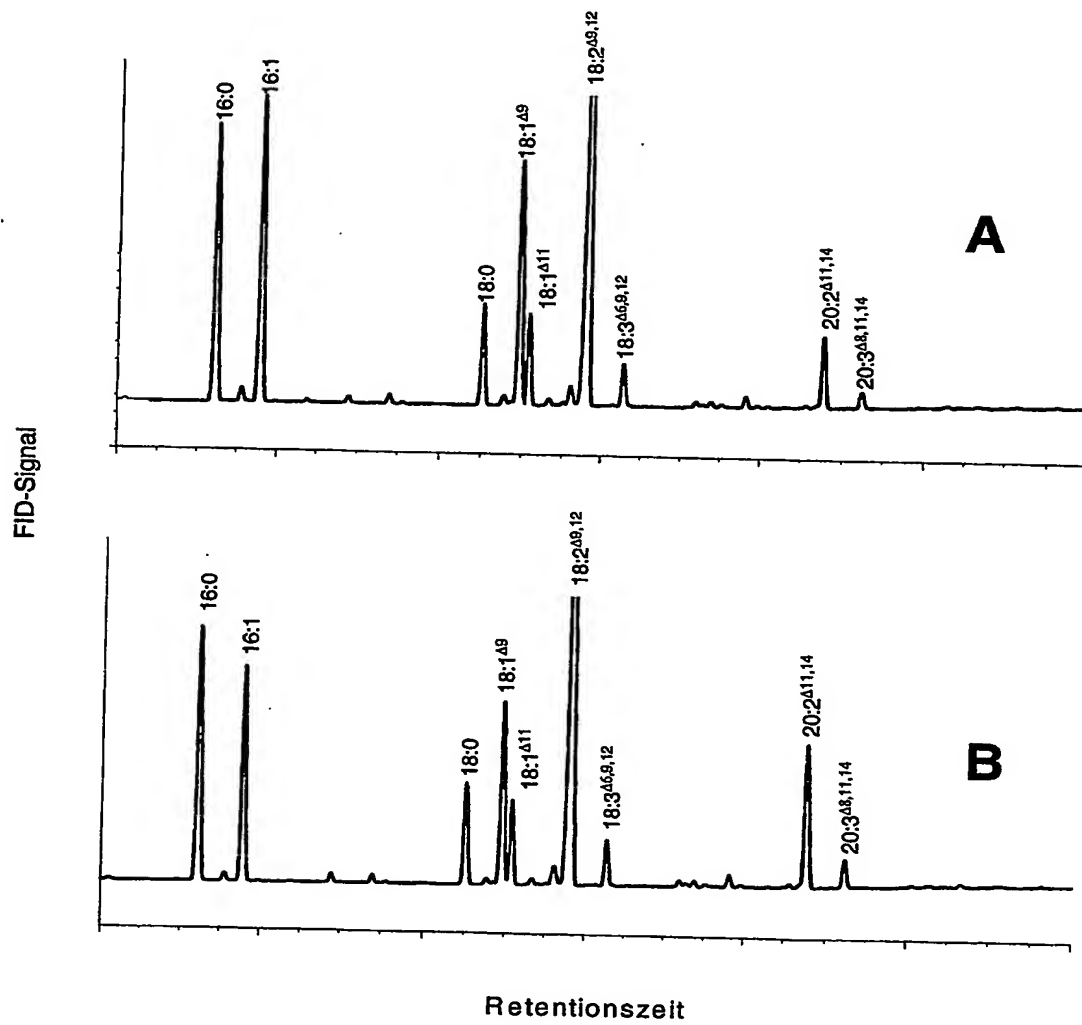
Figur 1: Vektorkarte von pSUN3CeLPLAT



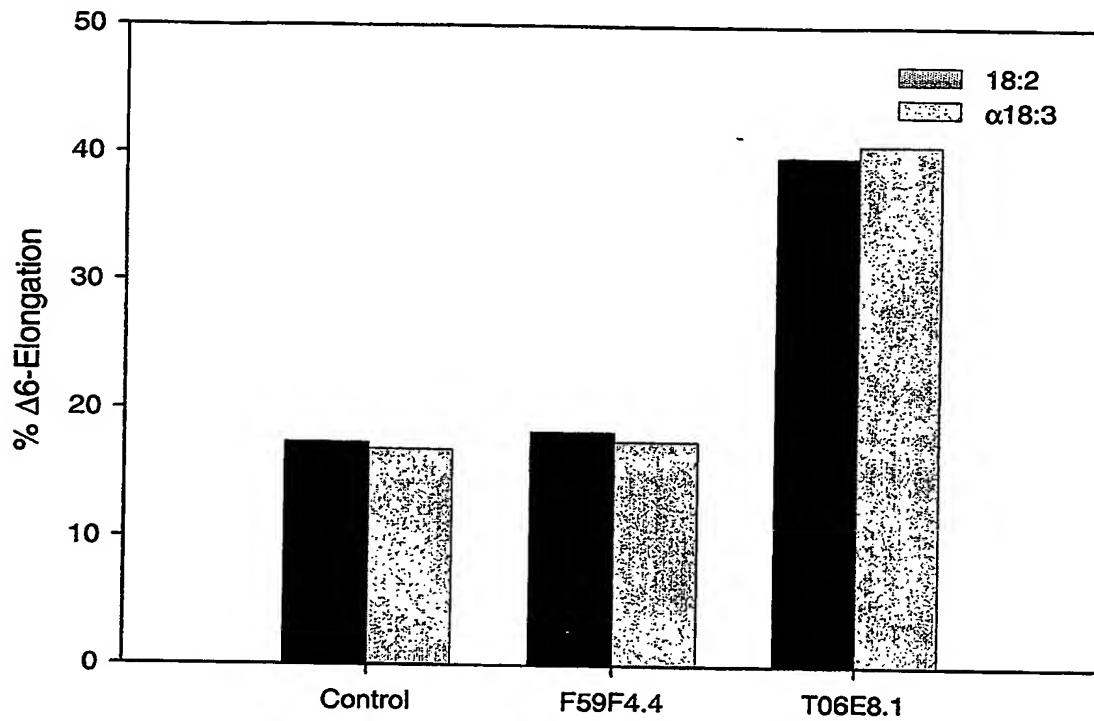
Figur 2: Aminosäure-Sequenzvergleich von *C. elegans* LPLATs (Ce-T06E8.1 und Ce-F59F4.4) mit der *M. musculus* LPAAT (Mm-NP061350).

	1					50
Mm-NP061350	MELWP	GAWTA	LLLLLELLLS	TEWFCSSSAK	YFFKMAFYNG	WILFLAILAI
Ce-T06E8.1	...MENFW	SI	VVFLLSILF	IIYNISTVCH	YYMRISFYF	TILLHGMEVC
Ce-F59F4.4MTF		LAILFVIAVL	LILAQLPVIG	FYIRAVYFGM	CLIIGGFLGG
	51					100
Mm-NP061350	PVCAVRGRNV	ENMKILRLLL	LHAKYLYGIR	VEVRGAHHFP	PTQBYVIVSN	
Ce-T06E8.1	VTMIPSWLNG	KGADYVFHSF	FYWCKWIGVH	TTVYGYEKTQ	VEGPAVVICN	
Ce-F59F4.4	LASIPFGKSP	NNHFRMFKIF	QAMTWPMGVR	FELRNSEILH	DKKPYILLAN	
	101					150
Mm-NP061350	HQSSLDLGLM	MEVLPDRCVP	IAKRELLWAG	SAGLACWLAG	ITFTDRKRTG	
Ce-T06E8.1	HQSSLDHLSM	ASTWPKNCVV	MMKRILAVVP	FFNLGAYFSN	ITFTDRYNRE	
Ce-F59F4.4	HQSALDVLGM	SFAWPVDCVV	MLKSSILKLP	GFNLCAVLC	SVYINRFSKE	
	151					200
Mm-NP061350	DALSV	MSEVA	QTLLTQDVRA	WVEPEGTRNH	NGSMIPFKRG	AFHILAVQAQV
Ce-T06E8.1	RAMASV	DYCA	SEMKNRNLIK	WVEPEGTRNR	EGGFIPFKRG	AFNIAVRAQI
Ce-F59F4.4	KALKIV	DTTL	HEIVTKKRKV	WVEPEGTRNA	EPELLPFKRG	AFILAKQAKI
	201					250
Mm-NP061350	PIIP	IVMSSY	QDFYSKKERR	FTSPGRCQVR	VLPPVSTEG	LTPDDVPALAD
Ce-T06E8.1	PIIP	VVFSDY	RDFYSKPGRY	FKNDGEVVIR	VLDATPTKGL	TLDDVSELSD
Ce-F59F4.4	PIIP	CVFSSH	KFFYSHAER	LTS.GNCIED	ILPEVDSS..	KFDSIDDLA
	251					285
Mm-NP061350	SVRHSMLTIF	RETSTDGLGG	GDCLKKPGGA	GEARL		
Ce-T06E8.1	MCRDVMLAAY	KEVTLEAQQR	NATRRGETKD	GKKSE		
Ce-F59F4.4	HCRKIMQHR	EKLDAEAAANL	NI.....		

Figur 3: Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen

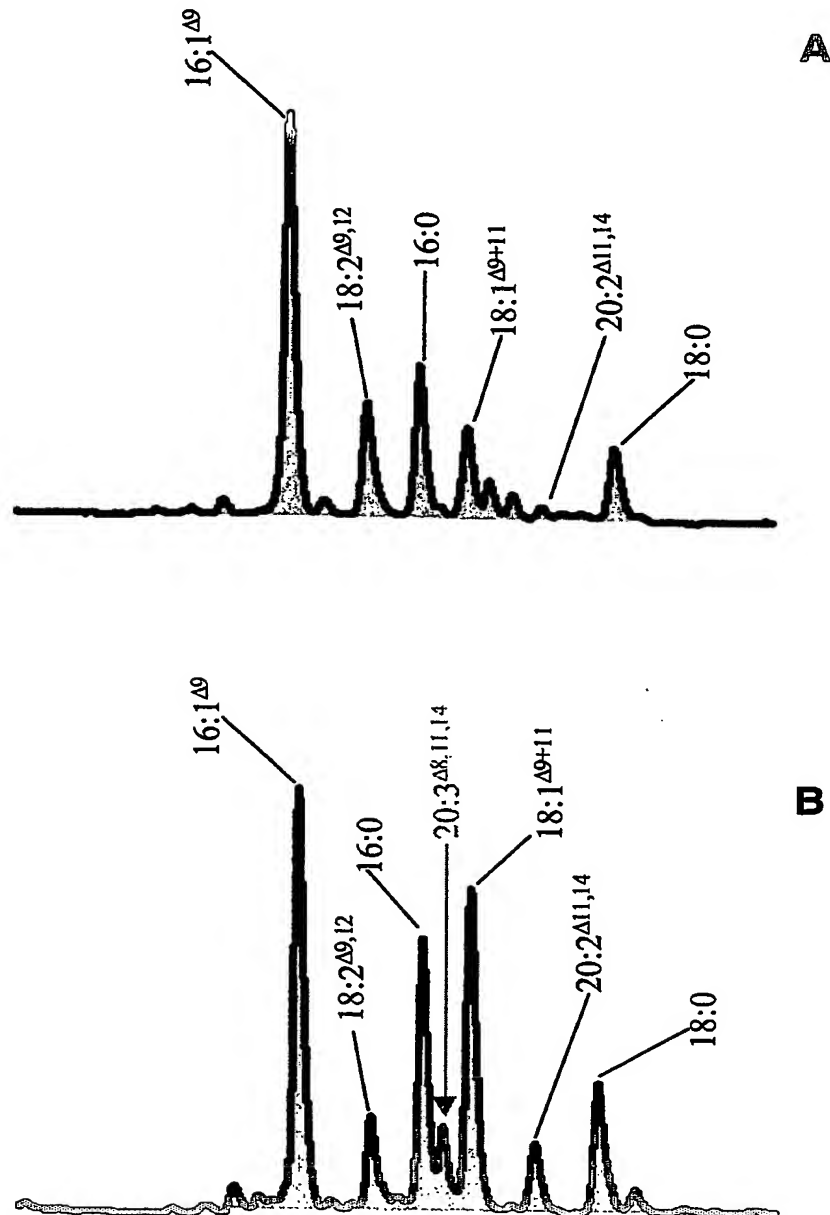


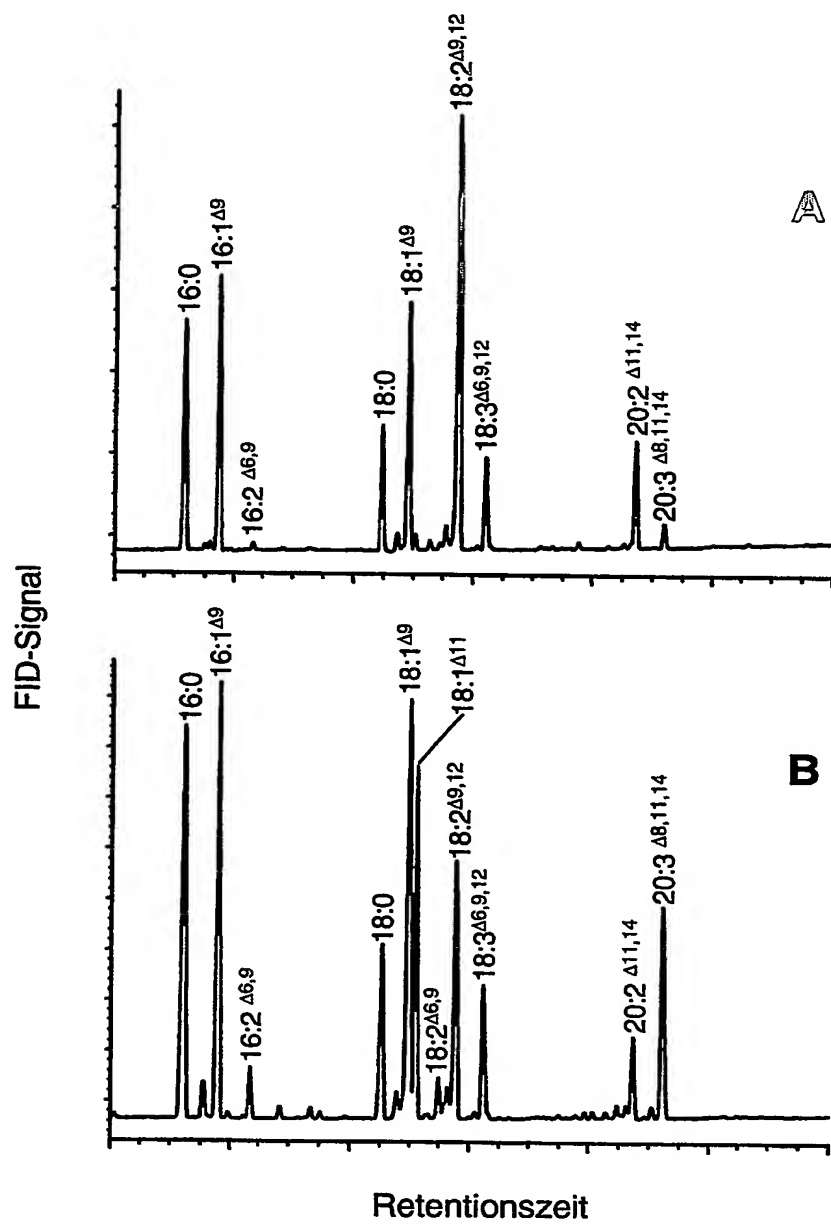
Figur 4: Elongation exogen applizierter $18:2^{\Delta 9,12}$ bzw. $18:3^{\Delta 9,12,15}$ im Anschluss an ihre endogene Δ -6-Desaturierung (Daten aus Fig. 2 und 3).



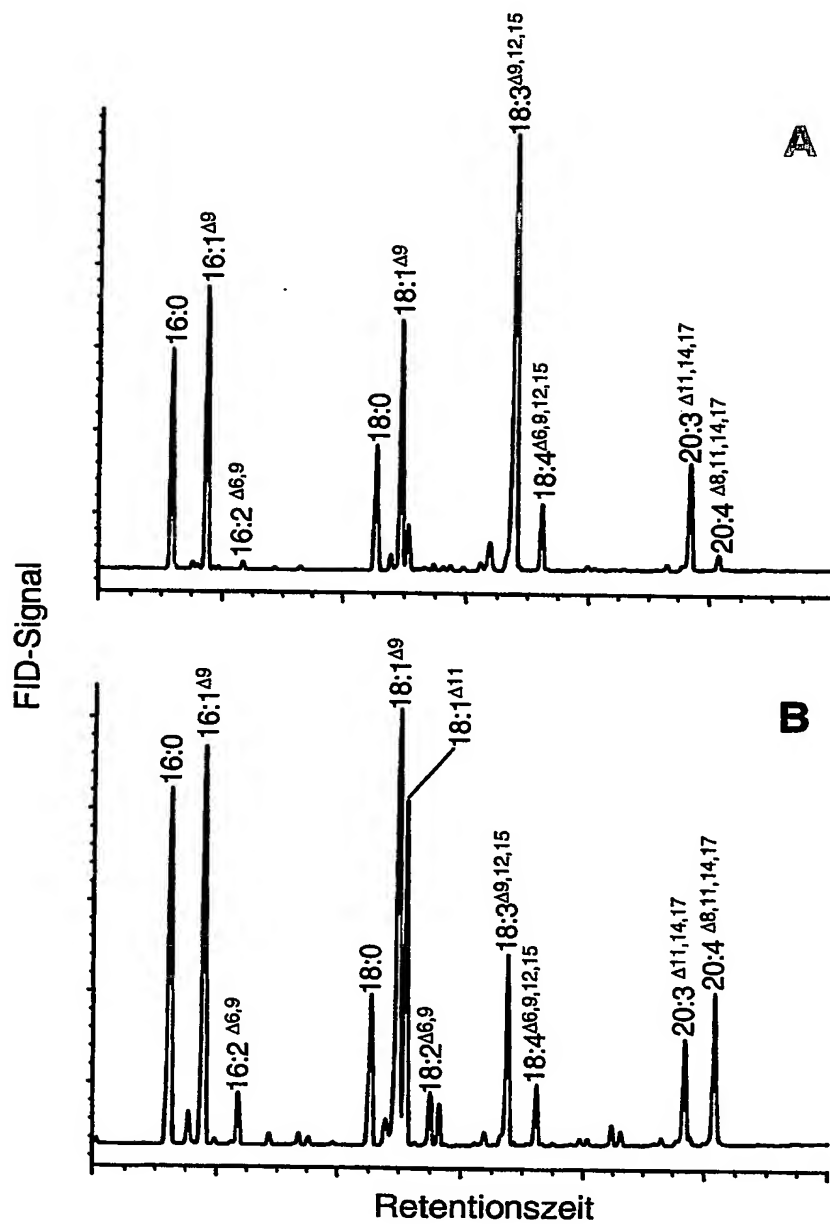
Figur 5: Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen

Figur 6: Acyl-CoA-Zusammensetzung transgener INVSc1 Hefen, die mit den Vektoren pESCLeu PpD6Pse1/pYes2 (A) oder pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (B) transformiert worden waren.

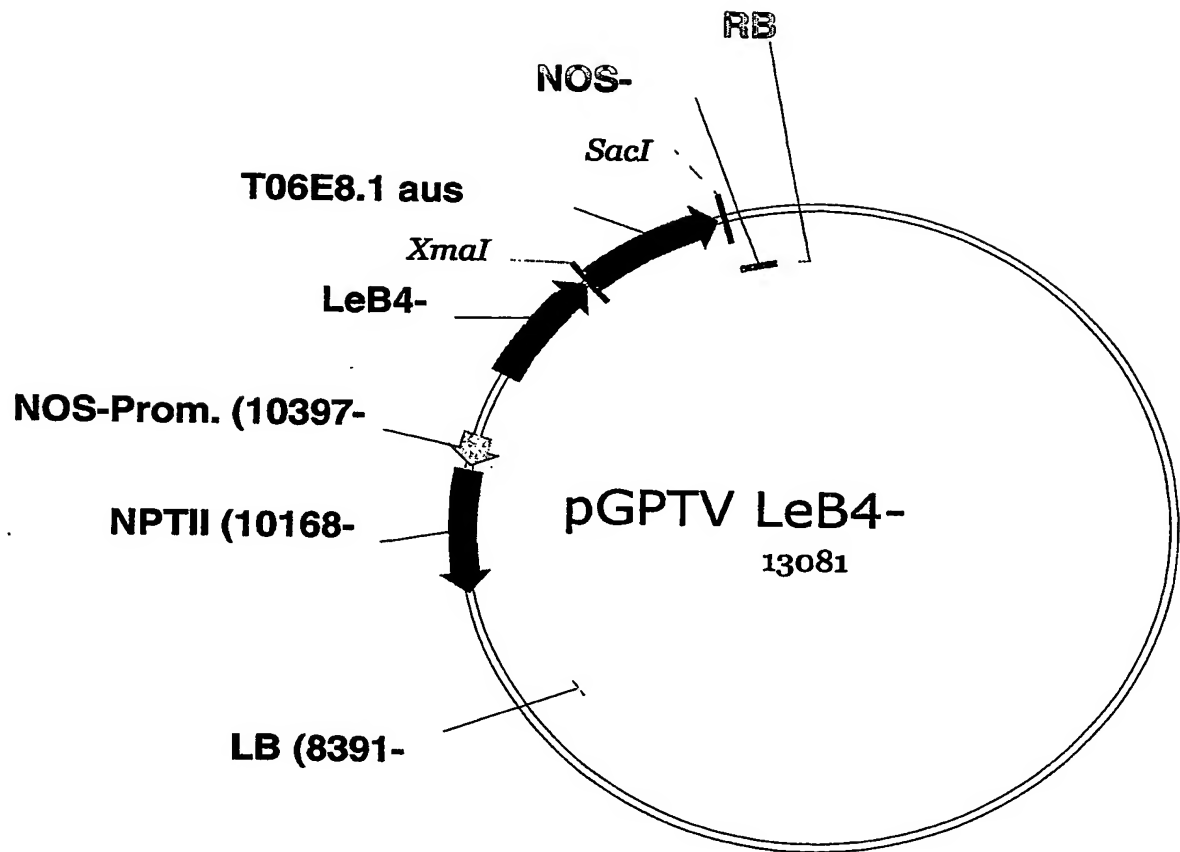


Figur 7: Fettsäure-Profile von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen

Figur 8: Fettsäure-Profile von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen.

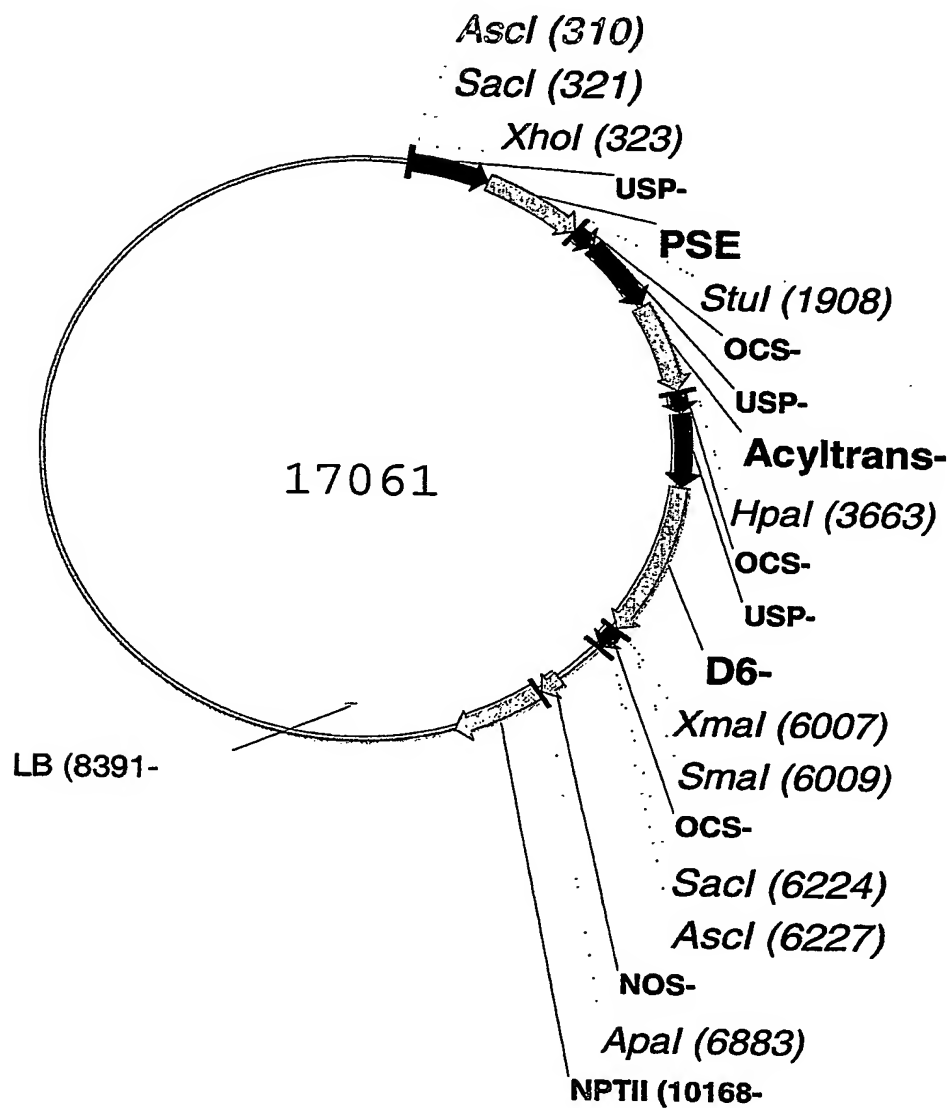


Figur 9A: Vektorkarte von pGPTV LeB4-700 + T06E8.1

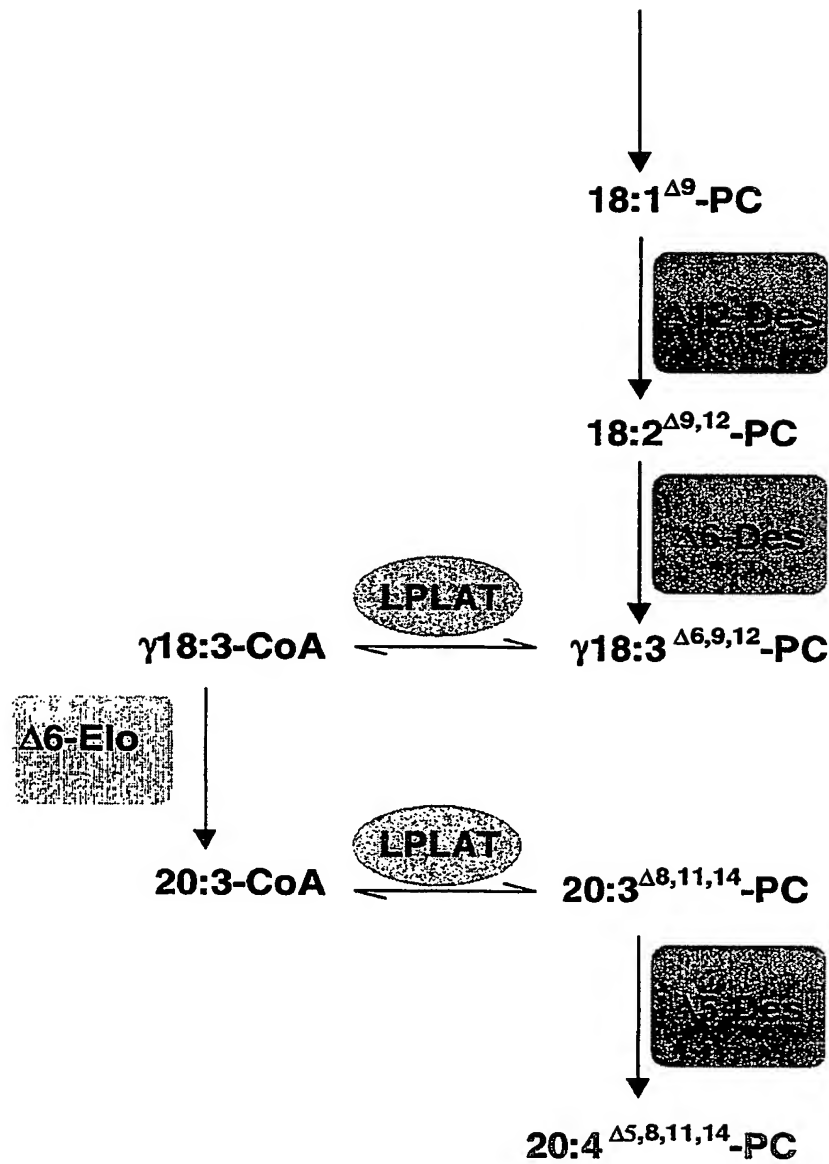


Figur 9B: Vektorkarte von pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1)

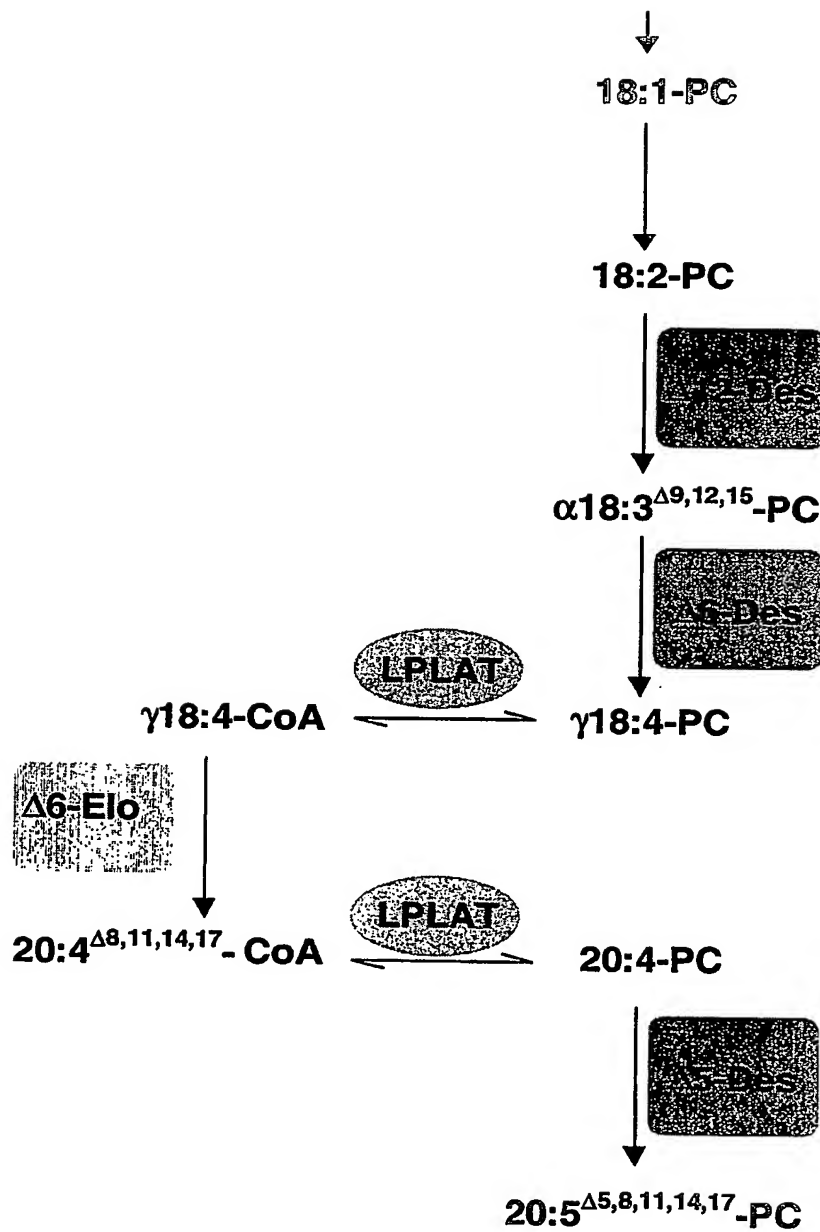
pGPTV/USP/OCS-1,2,3 PSE1 (Pp) D6-Des(Pt)-2 AT(T06E8-1)



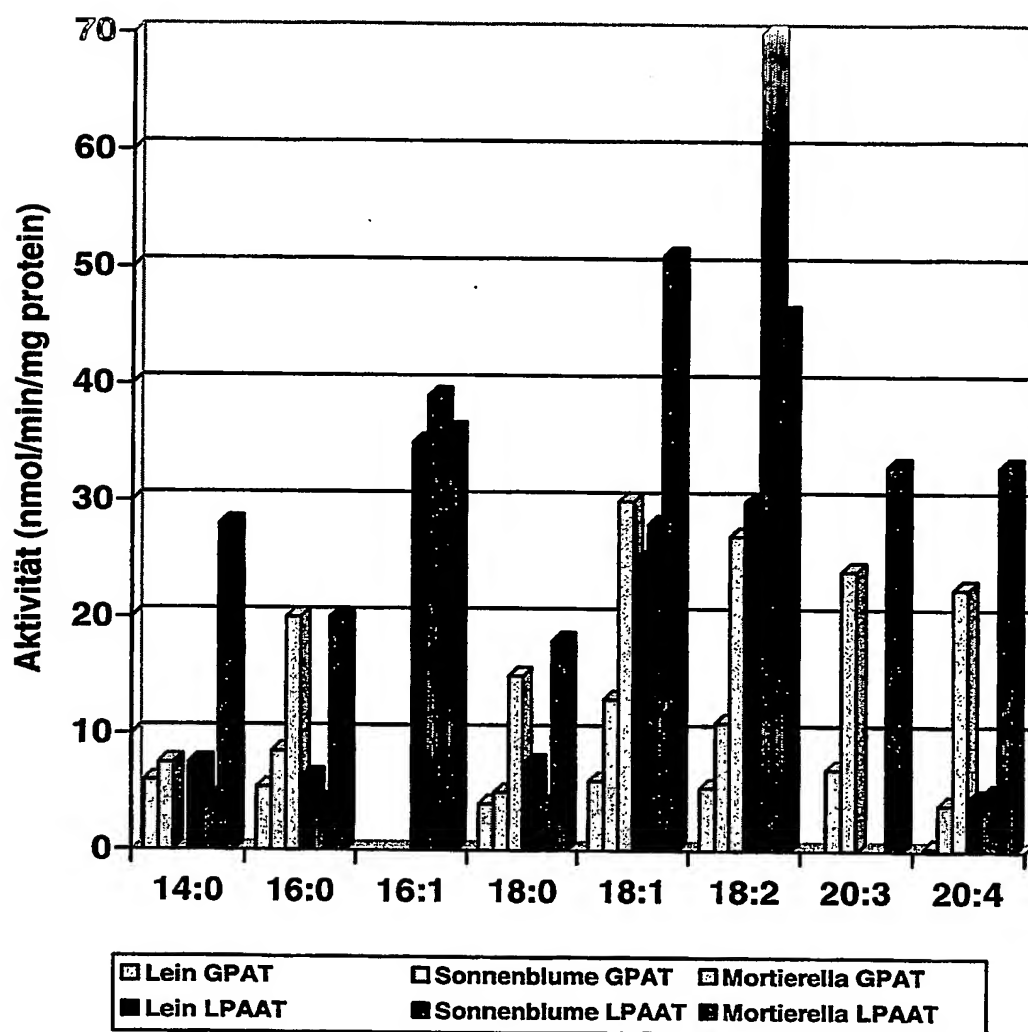
Figur 10A: Biosynthese-Weg von LCPUFAs



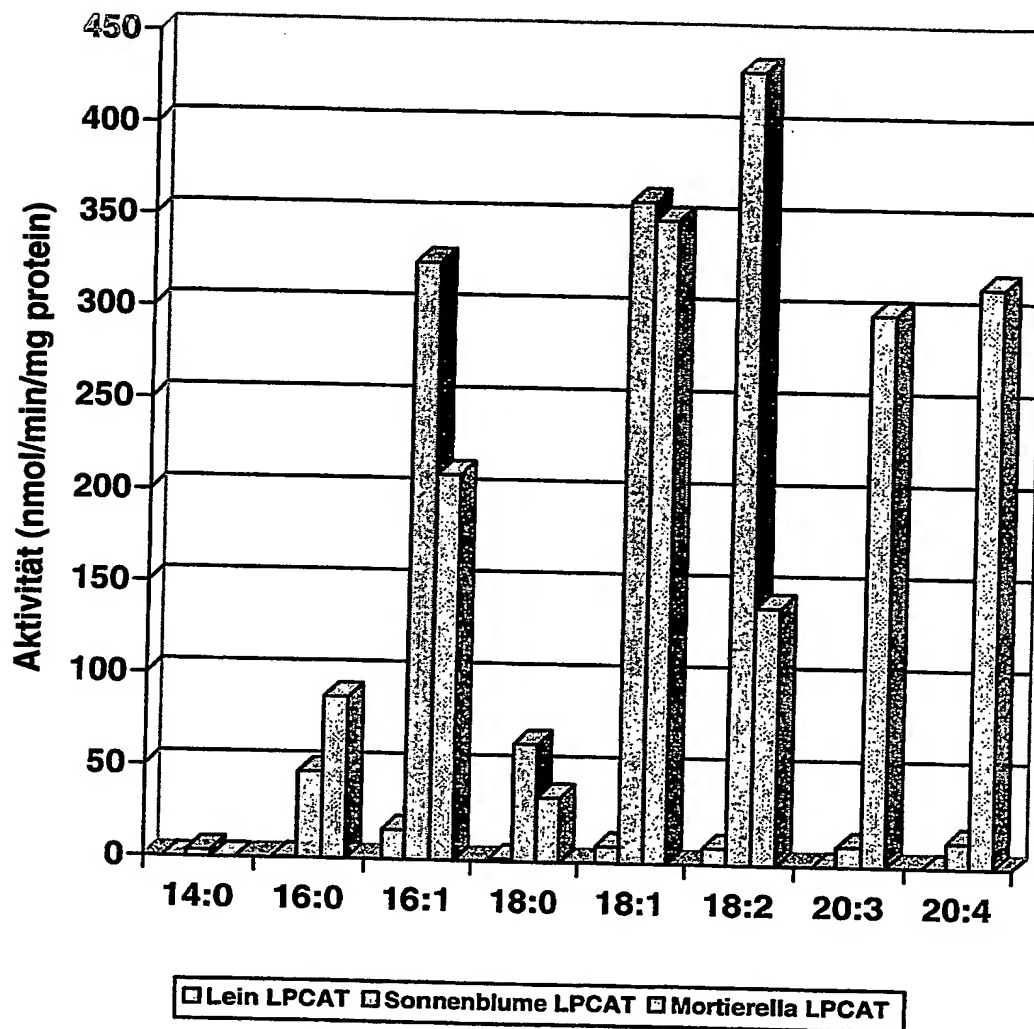
Figur 10B: Biosynthese-Weg von LCPUFAs



Figur 11: Vergleich von GPAT und LPAAT Substratspezifitäten in Lein, Sonnenblume und *Mortierella alpina*



Figur 12: Vergleich von LPCAT Substratspezifität in Lein, Sonnenblume und -
Mortierella alpina



Figur 13: Vergleich von SEQ ID NO: 2 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
Q9JZ47	MSSNKASFFTRL
Q9JU41	MSSNKASFFTRL
Q59601	MSSNKASFFTRL
Q9HW50	MARLRLLLRSARL
SEQ ID NO: 2	MSAWTRAKTAVGL
O35259	METIMDDEVTKRTSAEELESWMLLSRTNYNFQYISLRLTILWGLGVILIRY	
	51	100
Q9JZ47	RRLCRLAVWLFKTGKNLRGIDGG.CPESRNRAVIELGRGVLAALD.....	
Q9JU41	RRLCRLTVWLFKTGKNLRGIDGG.CPESRNRAVIELGRGVLAALD.....	
Q59601	RRLCRLTVWLFKTGKNLRGIDGG.CPKSRNRAVIALGKGALALD.....	
Q9HW50	LGLVALGLGLAAWVSLRERLPGADVTPLRQRLTRWWLARLCAALP.....	
SEQ ID NO: 2	LTLAPARIVFLVTVLGTGLTVAACTRLGVPKSFVLGLTRCVARLTLWGL	
O35259	CFLPLPLRIALAFGTGIGLLVVGTTMVGYPNGRPFKEFLSKHVHLMCYRICV	
	101	150
Q9JZ47	..IGLEVGRPAPEHPNG..VLVAANHVSWLDIFAMS.AVYPSSFIAKQEI	
Q9JU41	..IGLEVGRPAPEHPNG..VLVAANHVSWLDIFAMS.AVYPSSFIAKQEI	
Q59601	..IGLEVGRPAPEHPNG..VLVAANHVSWLDIFAMS.AVYPSSFIAKQEI	
Q9HW50	..FEVRVSGEAPRQP....MLWVANHVSWTDIPLLG.ALAPLTFLSKAEV	
SEQ ID NO: 2	GFYHIEVSCDAQGLREWP.RVIVANHVSYLEILYFMSTVHCPSFVMKKTC	
O35259	RALTAIITYHNRKNRPRNGGICVANHTSRIDVIFASDGYAMVGVQVHGG	
	151	200
Q9JZ47	KSWPVLGKMGQNAGTVFINRNSRR.....DIEPINRAVCETLQRGQ	
Q9JU41	KSWPVLGKMGQNAGTVFINRNSRR.....DIEPINRAVCETLQRGQ	
Q59601	KSWPVLGKMGQNAGTVFINRNSRR.....DIEPINRAVCETLQRGQ	
Q9HW50	RAWPLAGWLAEKAGTLFIRRGSG.....DSRLINQRLAEQLHRGR	
SEQ ID NO: 2	LRVPLVGYIAMELGGVIVDREGGQSASAIIRDRVQEPDRDSSSEKHHAQ	
O35259	LMGVIQRAMVKACPHVWFERSEVK.....DRHLVAKRLTEHVQDKS	
	201	250
Q9JZ47	..NVSFFPEARTSSGLGLLPFKAALFQSAIDAGAKVLAVALRYYDETGKR	
Q9JU41	..NVSFFPEARTSSGLGLLPFKAALFQSAIDAGAKVLAVALRYYDETGKR	
Q59601	..NVSFFPEARTSSGLGLLPFKAALFQSAIDAGAKVLAVALRYYDETGKR	
Q9HW50	..NLLIFPEGTTTNGESLRTFHGRMASALEAGVAVQPVASVYRRDGVDP	
SEQ ID NO: 2	..PLLVFPEGTTTNGSCLLQFKTGAFR...PG.APVLPVVLEFPIDKARG	
O35259	KLPLILIFPEGTCINNTSVMMFKKGSFEIG....ATVYPVAIKY..DPQFG	

	251	300
Q9JZ47	TARPSYADVGLPTCLWRIVSMKKLTIRVDFVCVADAAE.....	
Q9JU41	TARPSYADVGLPTCLWRIVSMKKLTIKVDFVCVADAAE.....	
Q59601	TARPSYADVGLPTCLWRIVSMKKLTIKVDFVCVADAAE.....	
Q9HW50	AQAPFIGDDDLLSHLGRLLRGERGSVHIQLLEPIPSQ.....	
SEQ ID NO: 2	DFSPAYESVHTPAHLLRMLAQWRHRLRVRYLPLYEPSAAEKVDADLYARN	
O35259	DAFWNSSKYGMVTYLLRMMTSWAIVCSVWYLPMTRE.....	

	301	349
Q9JZ47	...SEDRYALKDKIEESIRAVVADDADIIV.....	
Q9JU41	...SEDRYALKDKIEESIRAVVADDADIIV.....	
Q59601	...SEDRYALKDKIEESIRAVVADDADIIV.....	
Q9HW50	...GLDRAELARQAQQAVRLALFGTAAPTQTRRAA.....	
SEQ ID NO: 2	VRDEMARALKVPTVEQSYRDKLVYHADLMPHYQKAGPGALYLYVRPDL	
O35259KDEDAVQFANRVKSALARQEDW.....	

Figur 14: Vergleich von SEQ ID NO: 5 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
Q9C9P8	MEVCGDLKSDNLKNRPLTPLRILRGLMILLVFLSTAFMFLLYFAPIAALG	
Q9SFJ1	MEVCGDLKSDNLKNRPLTPLRILRGLMILLVFLSTAFMFLLYFAPIAALG	
Q9LHN4MEKKSVPNSDKLSLIRVLRGIICLMVLVSTAFMMLIFWGFLSAVV	
SEQ ID NO: 5	
Q9SDN3	
Q9XFW4MAMAAVIVPLGILFFISGLVVNLLQAVCYVLV	
	51	100
Q9C9P8	LRLLSVQQSRKVSLIFGLWLALWPYLFETVNGTTVVFSGDIIP...VEK	
Q9SFJ1	LRLLSVQQSRKVSLIFGLWLALWPYLFETVNGTTVVFSGDIIP...VEK	
Q9LHN4	LRLFSIRYSRKCVSFFFGSWLALWPFLFEKINKTKVIFSGDKVP...CED	
SEQ ID NO: 5MDVVKVIFAGDKVP...KEN	
Q9SDN3MGKE	
Q9XFW4	RPMSKNTYRKINRVVAETLWLELVWIVDWWAGVKIQVFADDETFNRMGKE	
	101	150
Q9C9P8	RVLLIANHRTEVDWMYLWNIALRKGLGYIKYVLKSSLMKLPFIGWGPHV	
Q9SFJ1	RVLLIANHRTEVDWMYLWNIALRKGLGYIKYVLKSSLMKLPFIGWGPHV	
Q9LHN4	RVLLIANHRTEVDWMYFWDLALRKQIGNIKYVLKSSLMKLPFIGWAFHL	
SEQ ID NO: 5	RVMVMCNHRTEVDWMYIWNLAIRKGKIGYCKYAVKNSVKNLPLFGWAFYV	
Q9SDN3	HALVISNHRSDIDWLVGWVLAQRSGCLGSSLAVMKSSKFLPVIGWSMWF	
Q9XFW4	HALVVCNHRSDIDWLVGWILAQRSGCLGSALAVMKSSKFLPVIGWSMWF	
	151	200
Q9C9P8	LEFIPVERKREVDEPVLLQMLSSFKDPQEPLWLALFPEGTDFTTECKRS	
Q9SFJ1	LEFIPVERKREVDEPVLLQMLSSFKDPQEPLWLALFPEGTDFTTECKRS	
Q9LHN4	FEFIPVERRWEVDEANLRQIVSSFKDPRDALWLALFPEGTDYTEAKQRS	
SEQ ID NO: 5	FEFLMLHRKWEVDAPVIKTYIDSFQDKRDPLWLVVFPPEGTDFTSEAKRDTG	
Q9SDN3	SEYLFLERSWAKDEGTLKSGVQRLKDFPQPFWLALFVEGTRFTQAKLLAA	
Q9XFW4	SEYLFLERNWAKDESTLQSGLQRLNDFPRPFWLALFVEGTRFTEAKLAA	
	201	250
Q9C9P8	QKFAAEVGLPALSNVLLPKTRGFGVCLEVLHNSLDAVYDLTIAYKPRCP.	
Q9SFJ1	QKFAAEVGLPALSNVLLPKTRGFGVCLEVLHNSLDAVYDLTIAYKPRCP.	
Q9LHN4	KKFAAENGLPILNNVLLPRTKGFVSCLQELSCSLDAVYDVTIGYKTRCP.	
SEQ ID NO: 5	NAIGREKGYPELVNVLQPRTRGFVTCLSQSRCSLDAVYDLTIAYKPRCP.	
Q9SDN3	QEYAAATGLPVPRNVLIPTKGFVTAVSQMRSFAPAIYDVTVAIPKSSPA	
Q9XFW4	QEYAASELFPVPRNVLIPTKGFVSAVSNMRSFVPAIYDMTVAIPKTSPP	

	251	300
Q9C9P8	SFMDNVFGTDPSEVHIHVRRVLLKEIPANEAESSAWLMDSFKLKDCLLSD	
Q9SFJ1	SFMDNVFGTDPSEVHIHVRRVLLKEIPANEAESSAWLMDSFKLKDCLLSD	
Q9LHN4	SFLDNVYGIPESEVHIHRRINLTQIPNQEKDINAWLMNTFQLKDQLLND	
SEQ ID NO: 5	LFINNVPFGTDPSEVHIHRRIPISEIPQSEDGMTQWLYDLFYQKDQMLAS	
Q9SDN3	PTMLRRLFEGRPVSVHVHIKRVMRDLPETDEAVAQWCKDIFVAKDALLDK	
Q9XFW4	PTMLRRLFQGPVSVHVHIKCHSMKDLPEPEDEIAQWCRDQFVAKDALLDK	
	301	350
Q9C9P8	FNAQGKFPNQRPEEELSVLKCIATFAGKQQQVTKPSCQKVFLLLNQSSDE	
Q9SFJ1	FNAQGKFPNQRPEEELSVLKCIATFAGKQQQVTKPSCQKVFLLLNQSSDE	
Q9LHN4	FYSNGHFPNEGTEKEFNTKKYLINCLAVIAFTTICTHLTFFSSMIWFRIY	
SEQ ID NO: 5	FSKTGSFPDSEIE.ESPLNIVEGVCNVALHVLSGWVFWCLFHSVWLKLY	
Q9SDN3	HTVEQTFGDQQLKVTGRPLKSLLVVTAWACLLILGALKFLYWSSLLSSWK	
Q9XFW4	HIAADTFPGQKEQNIGRPIKSLAVVVSACLLTLGAMKFLHWSNLFSSWK	
	351	400
Q9C9P8	KESKKAVAQHPFTDTLDHLFQVEHSISCFLYMHIYNLSTCHLISLYE...	
Q9SFJ1	KESKKAVAQHPFTDTLDHLFQVEHSISCFLYMHIYNLSTCHLISLYE...	
Q9LHN4	VSLACVYLTSATHFNLRVPLVETAKNSLKLVNK.....	
SEQ ID NO: 5	VAFASLLAFSTYFDWRPKPVYSSLRTKRKIV.....	
Q9SDN3	GIAFSALGLGVVTVLMQILIRFSQSERSTPAPVAPTNNKNKGESSGKPEK	
Q9XFW4	GIALSAFGLGIITLCMQILIRSSQSERSTPAKVAPAKPKDNHQSGPSSQT	
	401	
Q9C9P8	
Q9SFJ1	
Q9LHN4	
SEQ ID NO: 5	
Q9SDN3	QQ.....	
Q9XFW4	EVEEKQK	

Figur 15: Vergleich von SEQ ID NO: 35 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
P04180	MGP
Q08758	MGP
Q9MZ04	MGL
Q9DDJ6	MGR
Q9Y2B3	MGL
SEQ ID NO: 35	MCSISCGSTPQQLCHYRKSGELITRKSRAAIRWWRYGQCKVLLPLDLIR	
	51	100
P04180	PGSPWQWVTLGLLLPP.....	AAPFWLLNVLFPPHTTPK
Q08758	PGSPWQWVPLLLGLLLPP.....	AAPFWLLNVLFPPHTTPK
Q9MZ04	PGSPWQWVLLLELLLP.....	AAPFWLLNVLFPPHTTPK
Q9DDJ6	TGAGFALLTLLLLLPQP.....	ASQFWLFNVLFPPHTTPE
Q9Y2B3	HLRPYRVGLLPDGLLFL.....	LLLMLLADPALP.....
SEQ ID NO: 35	SSSQFFIVVLTTLTFLFTTCGAVHTAAQDRSFATLSQRSRASLFSVGRAQ	
	101	150
P04180	AELSNHTRPVILVPGCLGNQLEAKLDKPDVVN.WMCYRKTEDEFTIWL	DL
Q08758	AELSNHTRPVILVPGCLGNQLEAKLDKPDVVN.WMCYRKTEDEFTIWL	DL
Q9MZ04	AELSNHTRPVILVPGCLGNQLEAKLDKPDVVN.WMCYRKTEDEFTIWL	DL
Q9DDJ6	APPTNSTPPVVLVPGCLGNQLEAKLDKPDVVN.WMCYRKTEDEFTIWL	NL
Q9Y2B3	...AGRHPVVLVPGDLGNQLEAKLDKPTVVH.YLCSKKTESYFTIWL	NL
SEQ ID NO: 35	ARNKHHLAPVIVPGTGGNQLARLTADYEANKPWCYSFRKDYFRLWLDV	
	151	200
P04180	NMFLPLGVDCWIDNTRVVYNRSSGLVSNAPGVQIRVPGFGKTY	SVEYLD
Q08758	NMFLPLGVDCWIDNTRVVYNRSSGLVSNAPGVQIRVPGFGKTY	SVEYLD
Q9MZ04	NMFLPLGVDCWIDNTRVTYNHSSGRVSNAPGVQIRVPGFGKTY	SVEYLD
Q9DDJ6	NTFLPVGVDCWIDNTRVVYNRTSRKMSNAPGVHIRVPGFGKTY	SVEYLD
Q9Y2B3	ELLFPVIIDCWIDNIRLVYNKTSRATQFPDGVDRVPGFGKTF	SLEFLDP
SEQ ID NO: 35	KTLPFPFTTCFADRLSLDYNPQSDAYSNIKGVKTRVPFGTTEGMEYLD	P
	201	250
P04180	SK..LAGYLHTLVQNLVNNGYVRDETVRAAPYDWRLEPGQE.....	EYY
Q08758	SK..LAGYLHTLVQNLVNNGYVRDETVRAAPYDWRLEPGQE.....	EYY
Q9MZ04	SK..LAGYMHTLVQNLVNNGYVRDETVRAAPYDWRLEPGQE.....	EYY
Q9DDJ6	SK..LAGYLHTLVQNLVNNGYVRDQTVRAAPYDWRVGPQE.....	EYF
Q9Y2B3	SKSSVGSYFHTMVESLVGWGYTRGEDVRGAPYDWRRAPNENG.....	PYF
SEQ ID NO: 35	SLKFLTGYMIHLVNALKAHGYENGKSLYGAPYDFRFPAGPHASNVALEYL	

20/37

	251	300
P04180	RKLAGLVEEMHAAYG.KPVFLIGHSLGCLHLLYFLLRQPQAWKDRFIDGF	
Q08758	HKLAGLVEEMHAAYG.KPVFLIGHSLGCLHLLYFLLRQPQAWKDRFIDGF	
Q9MZ04	RDLARLVEEMHATYG.KPVFLIGHSLGCLHLLHFLHQPQSWKDRFIDGF	
Q9DDJ6	QNLKALIEEMHDEYQ.QRVFLIAHSMGNLNVLYFLLQQRQAWKDQYIGGF	
Q9Y2B3	LALREMIEMYQLYG.GPVVLVAHSMGNMYTLYFLQRQPQAWKDKYIRAF	
SEQ ID NO: 35	KDLKDLIETAYSVNANEPVVILAHSMGGLWTLFFLNQQSMEWRNKYVSRF	
	301	350
P04180	ISLGAPWGGSIKPMLVLASGDNQGIPIMSSIKLKEEQRITTTSPWMFPSPR	
Q08758	ISLGAPWGGSIKPMLVLASGDNQGIPIMSSIKLKEEQRITTTSPWMFPSPR	
Q9MZ04	ISLGAPWGGSIKPMQVLASGDNQGIPIMSSIKLKEEQRITTTSPWMFPSS	
Q9DDJ6	ISLGAPWGGSVKPLRVLASGDNQGIPILMSNIKLREEQRMTTTSPWMFPST	
Q9Y2B3	VSLGAPWGGVAKTLRVLASGDNNRIPVIGPLKIREQQRSAVSTSWLLPYN	
SEQ ID NO: 35	VSVATPWGGAVEQMMTFASGNPEGVPFVNSLVVREEQRRSESNLWLLPVR	
	351	400
P04180	MAWPEDHVFISTPSFNYTGRDFQORFFADLHFEEGWYMWLQ.SRDLLAGLP	
Q08758	LAWPEDHVFISTPSFNYTGRDFQORFFADLHFEEGWYMWLQ.SRDLLAGLP	
Q9MZ04	EVWPEDHVFISTPSFNYTIRDYQORFFVDVHFEEGWYMWLQ.SRDLLAGLP	
Q9DDJ6	LAWPEDHIFISTPSYNYTYRDKQOFFTDVNLEDGWYMWED.MKDLLKGLP	
Q9Y2B3	YTWSPEKVVFQPTPTINYTLRDYRKFFQDIGFEDGWLMRQD.TEGLVEATM	
SEQ ID NO: 35	RCFR.DRPLVITSSRNYTAGDMEQFLCDIGFPEGVAPYKSRIPLHTDILQ	
	401	450
P04180	APGVEVYCLYGVLPTPRTYIYDHGFPYTDPVGVLYEDGDDTVATRST.E	
Q08758	APGVEVYCLYGVLPTPRTYIYDHGFPYTDPVDVLYEDGDDTVATRST.E	
Q9MZ04	APGVEVYCLYGVLPTPSTYIYDHDFPYTDPDLVLYEDGDNTVATRSM.E	
Q9DDJ6	PPGVDTYCLYGTGYPTVETIYIYDEHFPYEDPVDMIYGDGDDTVNRRSS.E	
Q9Y2B3	PPGVQLHCLYGTGVPTPDSFYYES.FPDRDPK.ICFGDGDGTVNLKSA.L	
SEQ ID NO: 35	PPQVPVTLIHGYGVPTAETLSYEK.KGFDNHPEITEGDGDGTVNVCSLTA	
	451	500
P04180	LCGLWQGRQPQPVHLLPLHGIQHLNMVFSNLTLEHINAILLGAYRQGPPA	
Q08758	LCGLWQGRQPQPVHLLPLRGIQHLNMVFSNQTLLEHINAILLGAYRQGPPA	
Q9MZ04	LCSQWQGRQPQPVHLLPLHRIQHLNMVFSNQTLLEHINDILLGAYRHGNPV	
Q9DDJ6	LCKRWRNQKQKVHIQELRGIDHLNMVFSNLTLSINEILLGSSQVGAGT	
Q9Y2B3	QCQAWQSRQEHQVLLQELPGSEHIEMLANATTLAYLKRVLLGP.....	
SEQ ID NO: 35	VVEEWERVAGQELEMIALHGKQHMQILHDDHSVQVIVDAILNVTPQEQLM	
	501	524
P04180	SPTASPEPPPPPE.....	
Q08758	SLTASPEPPPPPE.....	
Q9MZ04	PPAASPRPLTPE.....	
Q9DDJ6	KEHGELGQMGALKSSLEAGRRGKN	
Q9Y2B3	
SEQ ID NO: 35	FH.....	

Figur 16: Vergleich von SEQ ID NO: 23 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
P10349	
Q9FEP9MFILSSSSSTLPSAPPFSSSTTSIFLSFSRVSLPPSSSSSLK...	
Q39639	MFILSAVSSSSSSSSSVPSLPPFSLSPSISLSFSRVSLPPSSSSSSSSSL	
Q9FEQ0MFILSSSSSLPSPLSLSSSRVSLPPSSSSSLN..	
Q9M4V1MLVPSALPRVSRVSAAARFSVSGVGSSPALSSRS	
SEQ ID NO: 23MPSLFRAKRNGRRTPGNAVTN...	
	51	100
P10349MAELIQDKESAQSAATAAAAS	
Q9FEP9	..LLPLSLQFGPPKLAS..SCSLRFSASRAMAELIQDKESAQSAATAAAAS	
Q39639	KLFLPLSLHFTPPKLSSPHSFLRFSASRAMAELIQDKESAHTPSTTDVTR	
Q9FEQ0	..LLPLSPHFQPPNLAC...SCSVASRSTAELLHDFKHSHTAASADEAR	
Q9M4V1	CTSLDSSVRSSLRRPCGIIYTSRTKAVVEAVESKASAREWRSVAVKRAVLA	
SEQ ID NO: 23FGKSEFH.....R..EIS...GSTRATTQVAEATTAGLRE	
	101	150
P10349	SGYERRNEPAHSRKFLDVRSEEELLSCIKKETEAGKLPPNVAAGMEELYQ	
Q9FEP9	SGYERRNEPAHSRKFLDVRSEEELLSCIKKETEAGKLPPNVAAGMEELYQ	
Q39639	N.....DPPHSRAFLDLRSEEELLSCIRRETEAGKLPSNVAAGMEELYQ	
Q9FEQ0	N.....HLPHSRAFLDVRSEQELLSYIRREAEAGKLPSNVAAGMEELYQ	
Q9M4V1	SDTGAEVEEVGHSRSLRARSEELLSYIRKEVETGRLSSDIANGLEELY	
SEQ ID NO: 23	TIEDRAIDGHSFEGIQSEEELMQVIEKEVESGRLPKRAGAGMVELYR	
	151	200
P10349	NYRNAVIESGNPKADEIVLSNMTVALDRILLDVEDPFFVSSHKAIREPF	
Q9FEP9	NYRNAVIESGNPKADEIVLSNMTVALDRILLDVEDPFFVSSHKAIREPF	
Q39639	NYKNAVFESGNPKADEIVLSNMTVALDRILLDVEDPFFVSSHKAIREPF	
Q9FEQ0	NYKNAVLKSGNPKADEIVLSNMTVALDRILLDVEEPFFVSPHHKAVREPF	
Q9M4V1	NYRNAVLQSGDPRANKIILSNMAVAFDRILLDVEDPFTFSPHHQAIREPF	
SEQ ID NO: 23	NYRDAVSSGVENAMDIVVKVMSTVLDRIILLQFEFPFTFGSHHKRMVEPY	
	201	250
P10349	DYYIFGQNYIRPLIDFGNSFVGNLFLFKDIEEKLQQGHNVVLISNHQTEA	
Q9FEP9	DYYIFGQNYIRPLIDFGNSFVGNLFLFKDIEEKLQQGHNVVLISNHQTEA	
Q39639	DYYTFGQNYVRPLIDFGNSFVGNLFLFKDIEEKLHQGHNVVLISNHQTEA	
Q9FEQ0	DYYTFGQNYVRPLIDFGNSFVGNPFLFKDIEEKLHQGHNVVLISNHQTEA	
Q9M4V1	DYYMFGQNYIRPLIDFRRSYIGNISIFSDMEEKLQQGHNVVLMSNHQTEA	
SEQ ID NO: 23	DYYTFGQNYVRPLLDFRNSYLGNLKIFDQIEKNLKEGHNVIFLSNHQTEA	

251 300
P10349 DPAIISLLEKTNPYIAENTIFVAGDRVLADPLCKPFSIGRNLCVYSKK
Q9FEP9 DPAIISLLEKTNPYIAENTIFVAGDRVLADPLCKPFSIGRNLCVYSKK
Q39639 DPAIISLLEKTNPYIAENMIYVAGDRVIADPLCKPFSIGRNLCVYSKK
Q9FEQ0 DPAIISLLEKTSPIYAENMIYVAGDRVIDPLCKPFSIGRNLCVYSKK
Q9M4V1 DPAIALLLERTNSHIAETMVVFVAGDRVLTDPCKPFSMGRNLLCVYSKK
SEQ ID NO: 23 DPAVMALLLEHSHPYLAENLTYVAGDRVLDPFCKPFSMGRNLLCVYSKK

301 350
P10349 HMFDIPELTETKRKANTRSLKEMALLLRGGSQLIWIAPSGGRDRPDPSTG
Q9FEP9 HMFDIPELTETKRKANTRSLKEMALLLRGGSQLIWIAPSGGRDRPDPSTG
Q39639 HMLDIPELAETKRKANTRSLKEMALLLRGGSQLIWIAPSGGRDRPDPSTG
Q9FEQ0 HMFDIPELAETKRKANTRSLKEMALLLRGGSQLIWIAPSGGRDRDLPSSG
Q9M4V1 HMDDVPELIEMKRRANTRSLKEMALLLRGGSQIIWIAPSGGRDRPDPSTG
SEQ ID NO: 23 HIHDVPDLAEMKIKANAKTLRQMTILLRQGQYYG.....

351 400
P10349 EWYPAPFDASSVDNMRRLIQHSDVPGHLFPLALLCHDIMPPPSQVEIEIG
Q9FEP9 EWYPAPFDASSVDNMRRLIQHSDVPGHLFPLALLCHDIMPPPSQVEIEIG
Q39639 EWYPAPFDASSVDNMRRLQHSAGPHGLYPLALLCYDIMPPPSQVEIEIG
Q9FEQ0 EWLAPFDASSMDNMRRLIQHSGVPGHLCPLALLCYDIMPPPSQVEIEIG
Q9M4V1 EWHAPFDVSSVDNMRRLVEHSSVPGHIYPLSLLCYEVMPPPQVQEKQIG
SEQ ID NO: 23

401 450
P10349 EKRVIAFNGAGLSVAPEISFEEIAATHKNPEEVREAYSKALFDSVAMQYN
Q9FEP9 EKRVIAFNGAGLSVAPEISFEEIAATHKNPEEVREAYSKALFDSVAMQYN
Q39639 EKRVISFNGTGLSVGPEISFDEIAASRDNPDEVREAYSKALYDSVAKQYN
Q9FEQ0 EKRVISFNGVGLSLAPAISFEIAATHRNPDEAREAYSKALFDSVSMQYN
Q9M4V1 ERRTISFHGVGLSVAPELNFNELTAGCETPEEAKEAFSQALYNSVGEQYN
SEQ ID NO: 23

451 476
P10349 VLKTAISGKQGLGASTADVLSQPW.
Q9FEP9 VLKTAISGKQGLGASTADVLSQPW.
Q39639 VLKAAIDGKQELEASVADVLSQPWI
Q9FEQ0 VLKAAIYGRQALRASTADVLSQPWI
Q9M4V1 VLKSAIHEHRLNASNSIISLSQPWQ
SEQ ID NO: 23

Figur 17: Vergleich von SEQ ID NO: 27 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
SEQ ID NO: 27	MEGGGSIIALPLGLMFLFSGFFINILQLLSVLFILPFSRRAYRVVNMIMM	
Q9XFW4	.MAMAAAVIVPLGILFFISGLVNNLLQAVCYVLRPMSKNTYRKINRVVA	
Q40119	MAIPAAAFIVPISLLFFMSGLVNNFIQAVFYVLRPISKDTYRRINTLVA	
Q9SDN3	
Q41745	MAIPLVLVVLPLGLLFLSGLIVNAIQAVLFVTIRPFKSFYRRINRFLA	
Q9SYC8	MKIPAAALVFIPVGVLFLISGLIVNIIQLVFFIIVRPFSRSLYRRINKNVA	
	51	100
SEQ ID NO: 27	EVLWSELIWLLDWWANVKVYTPKESWEHLGKEHALLICNHRSDIDWLW	
Q9XFW4	ETLWLELVWIVDWWAGVKIQVFADDETFNRMGKEHALVVCNHRSDIDWLW	
Q40119	ELLWLELVWVIDWWAGVKVQLYTDTESFRLMGKEHALLICNHRSDIDWLI	
Q9SDN3MGKEHALVISNHRSDIDWLW	
Q41745	ELLWLQLVWVVDWWAGVKVQLHADEETYRSMGKEHALIISNHRSDIDWLI	
Q9SYC8	ELLWLQLIWLFDWWACIKINLYVDAETLELIGKEHALVLSNHRSDIDWLI	
	101	150
SEQ ID NO: 27	GWIIAQRLGCLGGTRAVMKKSTKFLPVIGWSMWFSEYVFLSRDWAKDEKV	
Q9XFW4	GWILAQRSGCLGSALAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFERNWAKDEST	
Q40119	GWVLAQRGCLGSSIAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFERNWAKDENT	
Q9SDN3	GWVLAQRSGCLGSSLAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFERSWAKDEGT	
Q41745	GWILAQRSGCLGSTLAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFERSWAKDEKT	
Q9SYC8	GWVMAQRVGCLGSSLAIMKKEAKYLPPIIGWSMWFSDYIFLERSWAKDENT	
	151	200
SEQ ID NO: 27	LKNGYSSLKGFPRTLWVALFVEGTRFTKAKLEAAQKFAADTGLRVPRHVL	
Q9XFW4	LQSGLQRLNDFPRPFWLALFVEGTRFTEAKLAAQEYAASSELVPRNVL	
Q40119	LKSGLQRLNDFPKPFWLALFVEGTRFTKAKLLAAQEYAASAGLPVPRNVL	
Q9SDN3	LKSGVQRLKDFPQPFWLALFVEGTRFTQAKLLAAQEYAAATGLPVPRNVL	
Q41745	LKWGLQRLKDFPRPFWLALFVEGTRFTPAKLLAAQEYAASQGLPAPRNVL	
Q9SYC8	LKAGFKRLEDFPMTFWLALFVEGTRFTQEKLEAAQEYASIRSLPSPRNVL	
	201	250
SEQ ID NO: 27	VPRTKGFVSAVENLREFVPVVDYMTVAISKELPNPTMIRIFRGQPSVVHV	
Q9XFW4	IPRTKGFVSAVSNMRSFVPAIYDMTVAIPKTSPPPTMLRLFKGQPSVVHV	
Q40119	IPRTKGFVSAVSNMRSFVPAIYDLTVAIPKTTEQPTMLRLFRGKSSVVHV	
Q9SDN3	IPRTKGFVTAVSQMRSFAPAIYDVTVAIPKSSPAPTMLRLFEGRPSVVHV	
Q41745	IPRTKGFVSAVSIIMRDFVPAIYDTTVIVPKDSPQPTMLRILKGQSSVIHV	
Q9SYC8	IPRTKGFVSAVSEIRSFVPAIYDCTLTVHNNQPTPTLLRMFSGQSSEINL	

	251	300
SEQ ID NO: 27	HVRRVPMSDLPEGANAISKWCHDAFHIKDDRLEQHEKENTFGEDLYIPIE	
Q9XFW4	HIKCHSMKDLPEPEDEIAQWCRDQFVAKDALLDKHIAADTFPGQKEQNIG	
Q40119	HLKRHLMKDLPKTDDGVAQWCKDQFISKDALLDKHVAEDTFSGLEVDIG	
Q9SDN3	HIKRHVMRDLPETDEAVAQWCKDIFVAKDALLDKHTVEQTFGDQQLKVTG	
Q41745	RMKRHAMSEMPKSDEDVSKWCKDIFVAKDALLDKHLATGTFD.EEIRPIG	
Q9SYC8	QMRRHKMSSELPETDDGIAQWCQDLFITKDAQLEKYFTKDVFSLEVHQIN	
	301	350
SEQ ID NO: 27	RPLKPLIIVISWAITLLAAAWFLRR..VLSTWKGIWVAGVLVVVMLCV	
Q9XFW4	RPIKSLAVVSWACLLTLGAMKFLHWSNLFSSWKGIASAFGLGIITLCM	
Q40119	RPMKSLVVVSWMCLLCLGLVKFLQWSALLSSWKGMITTFVLGIVTVLM	
Q9SDN3	RPLKSLLVVTAWACLLILGALKFLYWSSLLSSWKGIASFALGLGVTVLM	
Q41745	RPVKSLLVTLFWSCLLLFGAIEFFPKWTQLLSTWRGVAFTAAGMALVTGVM	
Q9SYC8	RPIKPLIVVIIWLGFLVFGGFKLLQWLSIVASWKIILLFVFFLVITATIM	
	351	391
SEQ ID NO: 27	QILVMSSQSERSSDPAAKKANQKQAASVAHLGKTD.....	
Q9XFW4	QILIRSSQSERSTPAKVAPAKPKDNHQSGPSSQTEVEEKQK	
Q40119	HILIRSSQSEHSTPAKTRARQTAENPK.....	
Q9SDN3	QILIRFSQSERSTPAPVAPTNNKNKGESSGKPEKQQ.....	
Q41745	HVFIMFSQAERSSSARAARNRVKKE.....	
Q9SYC8	QILIQSSESQRSTPAKRPLQEQLISA.....	

Figur 18: Vergleich von SEQ ID NO: 8 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
SEQ ID NO: 8	MESTADVGMSSDDDPILLNGLETPLLAEPFLGERPTIGPEAPVNPFPHEPDG	
P42322	
Q9NKG7	
Q9XFJ4MGQREDIRTLSENEYETDIPRRGGLSVVRRGTRRRTLHSGQHHE	
O35259	
Q9FF57	
	51	100
SEQ ID NO: 8	GWKTNNENWYFQMMKSILLIPLLLVRLVSMITIVAFGYVWIRICLIGVTD	
P42322	
Q9NKG7	
Q9XFJ4	VVAIKTLR.RFGPPPAPEKKSINKSRVPAALISETLITNELLVMIKIVE	
O35259METIMDDEVTKRTSAEELESWNLLSRTNYN.	
Q9FF57MIEQLGLIIMGLIHYQSERVKPREWLKLSSENSR	
	101	150
SEQ ID NO: 8	PLFKPFNPCRRLWGLRVARAVMFTMGYYYIPIKGPAPHRSEAPIIVS	
P42322	
Q9NKG7	
Q9XFJ4	DVSPHPNVIHLYDVCEDPSGVHLILELCSGGELFDRIAGQARYNEEGAAA	
O35259	...FQYISLRLTILWGLGVLIKYCFLLPLRIALFTGIGLLVVGTTMVG	
Q9FF57	LG.NTKTNHRRSETGDVSYEQRDLLDISPTLTEAAGAIVDFHCFKTCRCF	
	151	200
SEQ ID NO: 8	NHIGFLDPIFVFYRHLPAIVSAKENVEMPIIGLFLQALQIIPVDRTDAQS	
P42322	
Q9NKG7	
Q9XFJ4	VVRQIAKGLEALHGASIVHRDLKPENCLFLNKDENSPLKIMDFGLSSIED	
O35259	LPNGRFKEFLSKHVHLMCYR.....	
Q9FF57	TLAFGWIIIFLSLFIQVNALLK.....	
	201	250
SEQ ID NO: 8	RHHAAGNVRRRAVDNMWSHVMFLPQGTITNGRAIIAFKTGAFSPGLPVQP	
P42322	
Q9NKG7	
Q9XFJ4	FANPVVGLFGSIDYVSPEALSREKITTSDIWSLGVILYILLSGYPPFIA	
O35259	
Q9FF57GQDRLRKKIER	

251 300
SEQ ID NO: 8 MVIRYPHKYVNP SWCDQGGPLVVVLQLMTQFINHMEVEYLPVMKPTVREM
P42322
Q9NWK7
Q9XFJ4 PSNRQKQQMILNGQFSFDEK TWKNISSSAKQLISSLLKVDPNMRPTAQEI
O35259 ICVR.ALTAITYHN.....
Q9FF57 VLVEMICSFFVASWTG.....

301 350
SEQ ID NO: 8 KYPHEFASRVRSEMAKALGIVCTEHSFLD...IKLALAAEKLKQPSGRSL
P42322MGTNTSSLRP
Q9NWK7MGN
Q9XFJ4 LEHPWVTGDLAKQEQMDAEIVSRLQSFNARRKFRAAAMASILSSSFSLRT
O35259RKNRPRN.....GG
Q9FF57VVKYHGPRPSIRP...KQ

351 400
SEQ ID NO: 8 VEFARMEKLFRLDFPTAKEYLEKFSAMDRTHSGF..VTFEELCTALDLP.
P42322 EEVEEMQKGTNFTQKEIKKLYKRFKKLDKDGNGT..ISKDEFLMIPELA.
Q9NWK7 ENSLPMELCSNFDPDEIKRLGKRFRKLDLDNSGS..LSVDEFMTLPELQ.
Q9XFJ4 KKLKLVGSYDLKPEELENLSHNFKKICKNGENSTLLEFEEVLKAMEMSS
O35259 ICVANHTSRIDVITFASDGYAMVGQVHGGLMGVIQRAMVKACPHVWFE.
Q9FF57 VYVANHTSMIDFIVLEQMTAFVIMQKHGPGWVGLLQSTILESVCIWFN.

401 450
SEQ ID NO: 8 RSPITKQVFNLFDKDGHGSINFREFLAGLAFVSSHTSFSSTMEAAFKACD
P42322 VNPLVKRVISIFDENGDSVNFKEFIAALSVFNAQGDQKQKLEFAFKVYD
Q9NWK7 QNPLVQRVIDIFDTDGNGEVDKFKEFIEGVSQFSVKGDKLSKLRFAFKIYD
Q9XFJ4 LVPLAPRIFDLFDNMRDGTVDMREIIGGFSSSLKYSQGD.DALRLCFQVYD
O35259 RSEVKDRHLVAKRLTEHVQDKSKLPILIFPEGTCINNT.SVMMFKKGSFE
Q9FF57 RSEAKDREIVAKKLRDHVQGADSNPLLIFPEGTCVNNN.YTVMFKKGAFE

451 500
SEQ ID NO: 8 VNGDGTLSRDEVERSLLDIFPELPPI.....TVFKLFDTL DINHDEKIS
P42322 IDGDGYISNGELFTVLKMMVGNNLSD.VQLQQIVDKTILEADEDGDGKIS
Q9NWK7 MDKDGYSNGELFQVLKMMVGNNLKD.TQLQQIVDKTIIHADADGDGKIS
Q9XFJ4 TDRSGCISKEEVESMLRALPEDCLPINITEPGKLDEIFDLMDANS DGKVT
O35259 IGATVYPVAIKYDPQFGDAFWNSSKYG.....MVTYLLRMMTSWAIVCSV
Q9FF57 LDCTVCPIAIKYNKIFVDAFWNSRKQS.....FTMHLLQLMTSWAVVCEV

	501	550
SEQ ID NO: 8	WEEFSSFLQRNPEYLAIIIYAHPTLLKPPTSTS.....	
P42322	FEEFAKTLSHQDLENKMTIRL.....	
Q9NKW7	FEEFCVVGNMVDVHKMVDV.....	
Q9XFJ4	FDEFKAAMQRDSSLQDVVLSSLRPN.....	
O35259	WYLPMTREKDEDAVQFANRVKSATARQEDW.....	
Q9FF57	WYLEPQTIRPGETGIEFAERVDMISLRAGLKKVPWDGYLKYSRPSPKHS	

	551	568
SEQ ID NO: 8	
P42322	
Q9NKW7	
Q9XFJ4	
O35259	
Q9FF57	ERKQQSFAESILARLEEK	

Figur 19: Vergleich von SEQ ID NO: 10 mit Swiss-Prot Datenbank

	1	50
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	MTSTENTAMFTEDTSTLNGSTEANHAEPFLGERPTIGPEPPVNPFFHESST	
O35259METIMDDEVTKRTSAEEL	
Q9XFJ4	MGQREDIRTLSNEYEVDIPRRGGLSVVRRGTRRRRTLHSGQHHEVVAIKT	
	51	100
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	WSIPQVIKTILLVPLLVIIRLLSMFALMMLGYICVKVAMIGCKDPLFKPFN	
O35259	ESWNLLSRTNYNFQYISLRRLTILWGLGLIRYCFLLP.....	
Q9XFJ4	LRRFGPPPAPEKKSLNKS RVPQAALISETLLTNELLVMIKIVEDVSPHPN	
	101	150
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	PLRRLLLVSVRLIARGVMVAMGYYYILVKGKPAHRSVAPIIVSNHIGFVD	
O35259LRIALFTGIGLLVVG.....TTMVG...	
Q9XFJ4	VIHLYDVCEDPSGVHLILELCSGGELFDRIAGQARYNEEGAAAVVRQIAK	
	151	200
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	PIFVFYRHLPVIVSAKEIVEMPIIGMFLQALQIIPVDRINPASRHHAGN	
O35259YLPNGRFKEFLSKH....	
Q9XFJ4	GLEALHGASIVHRDLKPENCLFLNKDENSPLKIMDFGLSSIEDFANFVVG	
	201	250
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	IRRRAMDNEWPHVMLFPEGTTTNGKALISFKTGAFSPGLPVQPMVIKYPH	
O35259VHLMCYR.....	
Q9XFJ4	LFGSIDYVSPEALSREKITTKSDIWSLGVILYILLSGYPPFIAPSNRQKQ	
	251	300
Q24214	
P28470	
SEQ ID NO: 10	KYVNPCWCNQGGPLVILFQLMTQFVNYMEVEYLPVMTPNVHEIKNPHEFA	
O35259ICVR.....ALTAITYHNK	
Q9XFJ4	QMILNQFSFDEKTKWKNISSAKQLISSLLKVDPNMRPTAQEILEHPWVT	

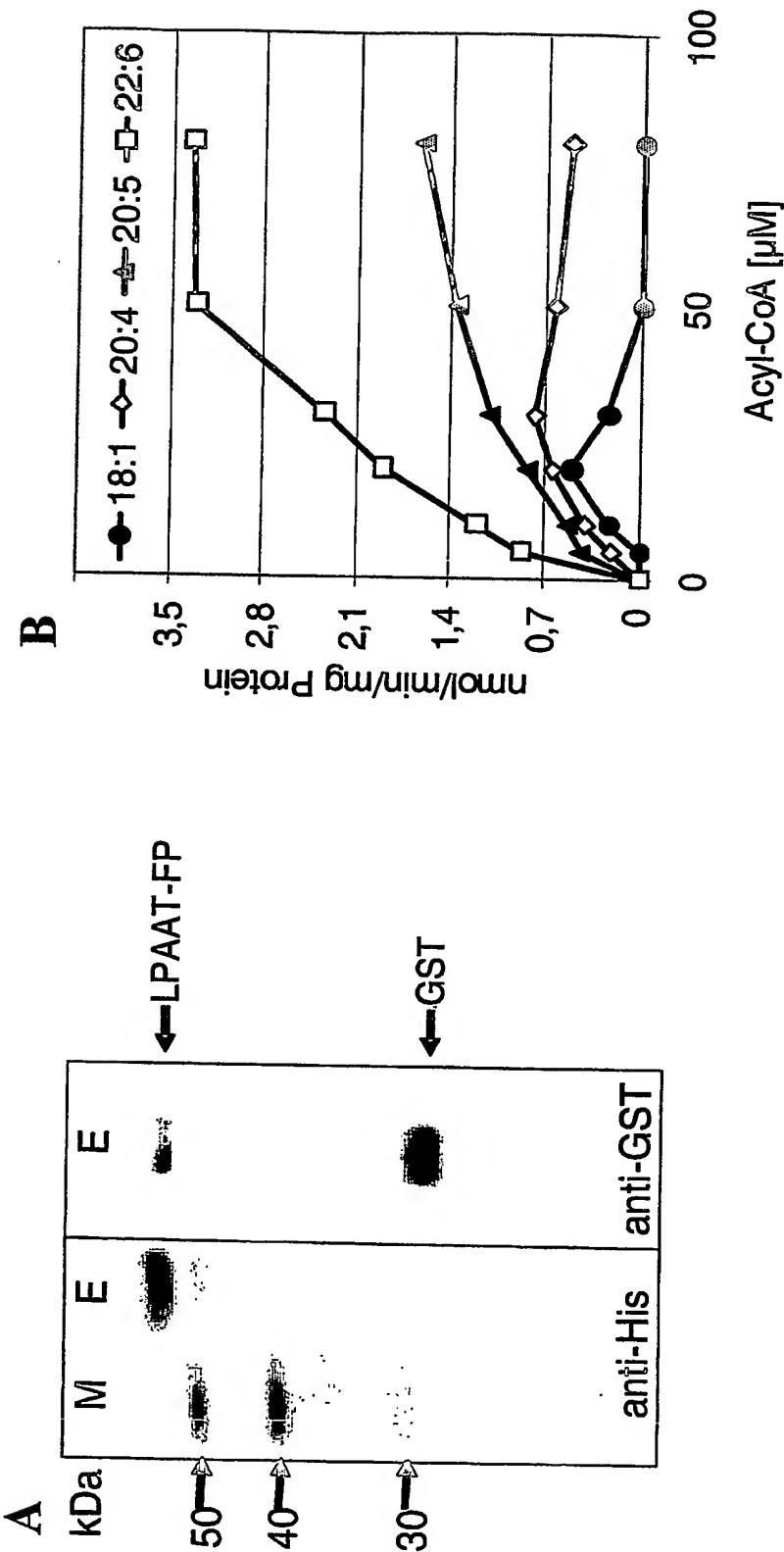
	301	350
Q24214	MGNETSLPME
P28470	GNEASYHSE
SEQ ID NO: 10	NRVRTEMAKALGVVCTEHNF...LDIKLKMAAEKQKQPSGRSLVEFARME	
O35259	NRPR.....N.....	GGICVANHT
Q9XFJ4	GD LAKQE QMDAEIVSRLQSFNARRKFRAAAMASILSSSFSLR TKKLKLV	
	351	400
Q24214	MCSNFDAD EIRRLGKRFRKLDLD..NSGALSVDEFMSLP ELQ.QNPLVQR	
P28470	MGTHFDHDEIKRLGRSFKKMDLD..KSGSLSVDEFMSLP ELQ.QNPLVGR	
SEQ ID NO: 10	KLFR LDYSKAQEYLEKFSAMDPS..HSGYV TYDEFLKALHLP.PTQITEQ	
O35259	SRIDVII FASDGYAMVGQVHGG..LMGVIQ RAMVKACPHVW.FERSEVK	
Q9XFJ4	GSYDLKPEELENLSHNFKKICKNGENSTLLEFEEVLKAMEMSSSLVPLAPR	
	401	450
Q24214	VIDIFDADGNGEVD FKEFIQGV SQFS.VKGD KLSKLRFAFRIYDMDNDGY	
P28470	VIDIFD TDGNGEVD FREFIVGTSQFS.VKGDEEQKLRFAFRIYDMDNDGF	
SEQ ID NO: 10	VFNLF DKNHGHSINFREFVAGLAF LS.THTSFQT TMKAAPKACDVG DGT	
O35259	DRHLVAKRLTEHVQDKSKLPILIPPEGTCINNTSVMMFKKGSFEIGATVY	
Q9XFJ4	IFDLFDNNRDGTVD MREIIGGFSSLK..YSQGDDALRLCFQVYDTDRSGC	
	451	500
Q24214	ISNGELFQVLKMMVGNNLKD.TQLQQIVDKTIGFADKDEDGKISFDEFCS	
P28470	ISNGELFQVLKMMVGNNLKD.WQLQQLVDK SILVLDKDG DGRISFEEFRD	
SEQ ID NO: 10	LTRNEVESSLMAVFP.....ELPPATVLKLFDTLDLNRDGSINWEEFSS	
O35259	PVAIKYDPQFGDAFWN.....SSKYGMV TYLLRMMTSWAIVCS	
Q9XFJ4	ISKEEVESMLRALPEDCLPINITEPGKLDEIFDLMDANS DGKVTFDEFKA	
	501	532
Q24214	VVGNTDIHKKMVVDV.....	
P28470	VVRIMEIHKKL VVFDH GQED.....	
SEQ ID NO: 10	FLQRNPEYLAII LAAHPTLLQAPKSE ESETNI	
O35259	VWYLP PMTREKDEDAVQFANRVKSAIARQEDW	
Q9XFJ4	AMQRDSSLQDVVLSSLRPN.....	

Figur 20: Vergleich von SEQ ID NO: 12 mit Swiss-Prot Datenbank

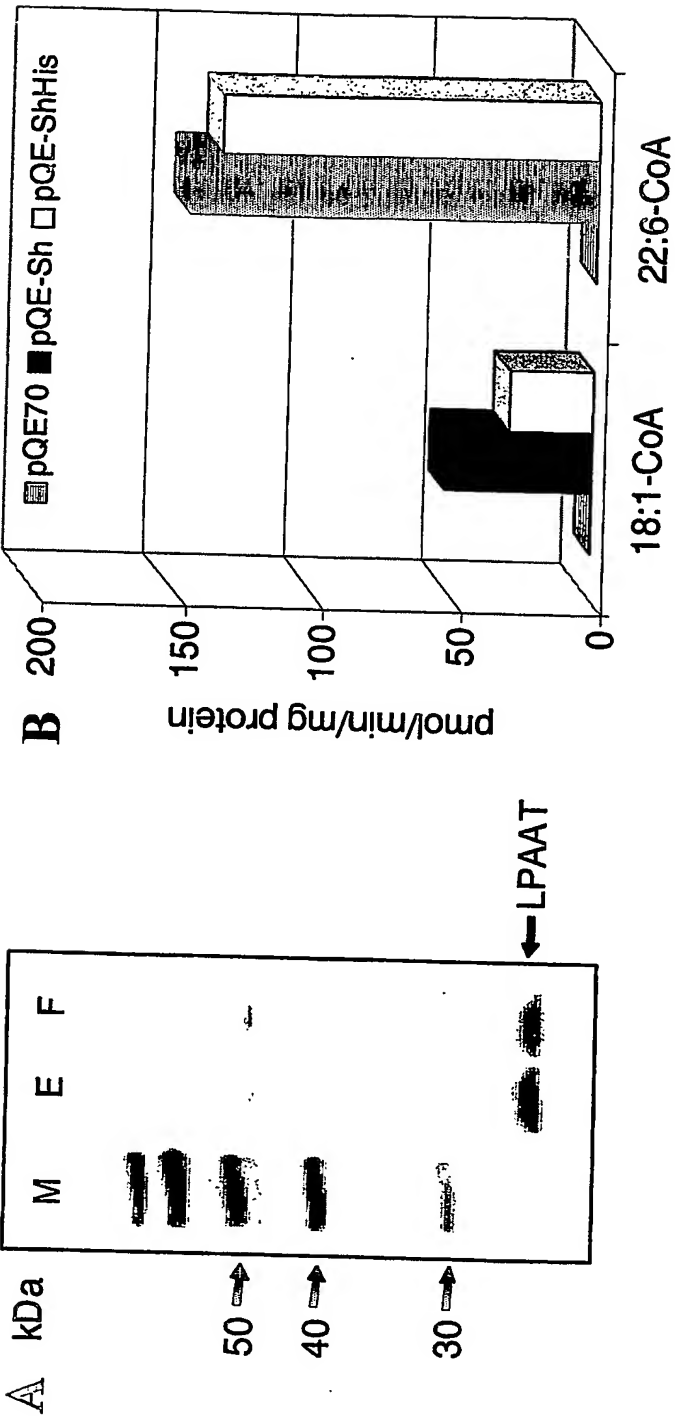
	1	50
Q9XFW4	.MAMAAVIVPLGILFFISGLVNVLLQAVCYVLVRPMSKNTYRKINRVVA	
Q9SDN3	
Q40119	MAIPAAFTVPISLLFFMSGLVNVFIQAVFYVLVRPISKDTYRRINTLVA	
Q41745	MAIPLVLVVLPLGLLFLLSGLIVNAIQAVLFVTIRPFSSFYRRINRFLA	
Q9SYC8	MKIPAALVFIPVGVLFLISGLIVNIIQLVFFIIVRPFSRSLYRRINKNVA	
SEQ ID NO: 12MIMM	
	51	100
Q9XFW4	ETLWLELVWIVDWWAGVKIQVFADDETFNRMGKEHALVVCNHRSDIDWL	
Q9SDN3MGKEHALVISNHRSDIDWL	
Q40119	ELLWLELVWVIDWWAGVKVQLYTDTESFRMLMGKEHALLICNHRSDIDWLI	
Q41745	ELLWLQLVWVVDWWAGVKVQLHADEETYSMGKEHALIISNHRSDIDWLI	
Q9SYC8	ELLWLQLIWLFDWWACIKINLYVDAETLELIGKEHALVLSNHRSDIDWLI	
SEQ ID NO: 12	EVLWSELIWLLDWWANVKVKVYTPKESWEHLGKEHALLICNHRSDIDWL	
	101	150
Q9XFW4	GWILAQRSGCLGSALAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFLEARNWAKDEST	
Q9SDN3	GWVLAQRSGCLGSSLAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFLEARNWAKDEGT	
Q40119	GWVLAQRSGCLGSSIAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFLEARNWAKDENT	
Q41745	GWILAQRSGCLGSTLAVMKKSSKFLPVIGWSMWFSEYLFLEARNWAKDEKT	
Q9SYC8	GWVMAQRVGCLGSSLAIMKKEAKYLPPIIGWSMWFSDYIFLEARNWAKDENT	
SEQ ID NO: 12	GWIIAQRGLGCLGSTRVAVMKKSTKFLPVIGWSMWFSEYVFLSRDWAKDEKV	
	151	200
Q9XFW4	LQSGLQRLNDFPRPFWLALFVEGTRFTAKLAAQEQYAAASSELPVPRNVL	
Q9SDN3	LKSGVQRLKDFPQPFWLALFVEGTRFTQAKLLAAQEQYAAATGLPVPRNVL	
Q40119	LKSGLQRLNDFPKPFWLALFVEGTRFTKAKLLAAQEQYAAASAGLPVPRNVL	
Q41745	LKWGLQRLKDFPRPFWLALFVEGTRFTPAKLLAAQEQYAAASQGLPAPRNVL	
Q9SYC8	LKAGFKRLEDFPMTFWLALFVEGTRFTQEKLEAAQEQYASIRSLPSPRNVL	
SEQ ID NO: 12	LKNGYSSLKGFPRTLWVALFVEGTRFTKAKLEVAQKFAADTGLRVPRYVL	
	201	250
Q9XFW4	IPRTKGFVSAVSNMRSFVPAIYDMTVAIPKTSPPPTMLRLFKGQPSVVHV	
Q9SDN3	IPRTKGFVTAVSQMRSFAPAIYDVTVAIPKSSPAPTMLRLFEGRPSVVHV	
Q40119	IPRTKGFVSAVSNMRSFVPAIYDLTVAIPKTTEQPTMLRLFRGKSSVVHV	
Q41745	IPRTKGFVSAVSIMRDFVPAIYDTTVIVPKDSPQPTMLRLKQSSVIHV	
Q9SYC8	IPRTKGFVSAVSEIRSFVPAIYDCTLTVHNNQPTPTLLRMFSGQSSEINL	
SEQ ID NO: 12	VPRTKGFVSAVENLREFVPVYDMTVAISKELPNPTMIRIFRGQPSVVHV	

	251	300
Q9XFW4	HIKCHSMKDLPEPEDEIAQWCRDQFVAKDALLDKHIAADTFPGQKEQNIG	
Q9SDN3	HIKRHVMRDLPETDEAVAQWCKDIFVAKDALLDKHTVEQTFGDQQLKVTG	
Q40119	HLKRHLMKDLPKTDGVAQWCKDQFISKDALLDKHVAEDTFSGLEVQDIG	
Q41745	RMKRHAMSEMPKSDEEDVSKWCKDIFVAKDALLDKHLATGTFD.EEIRPIG	
Q9SYC8	QMRRHKMSELPETDDGIAQWCQDLFITKDAQLEKYFTKDVFSDLVHQIN	
SEQ ID NO: 12	YVRRVPMSDLPEGANAISKWCHDAFHIKDDRLEQHEKENTFGEDLYIPIE	
	301	350
Q9XFW4	RPIKSLAVVVSWACLLTLGAMKFLHWSNLFSSWKGIASAFGLGIITLCM	
Q9SDN3	RPLKSLLVVTAWACLLILGALKFLYWSSLLSSWKGIAPFSAALGLGVVTVLM	
Q40119	RPMKSLVVVVSWMCLLCLGLVKFLQWSALLSSWKGMMITTFVLGIVTVLM	
Q41745	RPVKSLLVTLFWSCLLLFGAIEFFKWTQLLSTWRGVAFATAAGMALVTGVM	
Q9SYC8	RPIKPLIVVVIWLGFLVFGGFKLLQWLSIVASWKIILLFVFFLVIAITTM	
SEQ ID NO: 12	RPLKPLIIVISWAITLLAAAWFLRR..VLSTWKGIWVAGVLVVVMLCV	
	351	391
Q9XFW4	QILIRSSQSERSTPAKVAPAKPKDNHQSGFPSSQTEVEEKQK	
Q9SDN3	QILIRFSQSERSTPAPVAPTNNKNKGESSGKPEKQQ.....	
Q40119	HILIRSSQSEHSTPAKTRARQTAENPK.....	
Q41745	HVFIMFSAERSSSARAARNRVKKE.....	
Q9SYC8	QILIQSSESQRSTPAKRPLQEQQLISA.....	
SEQ ID NO: 12	QILVMSSQSERSSDPAKKANQKQAASVAHLGKTD.....	

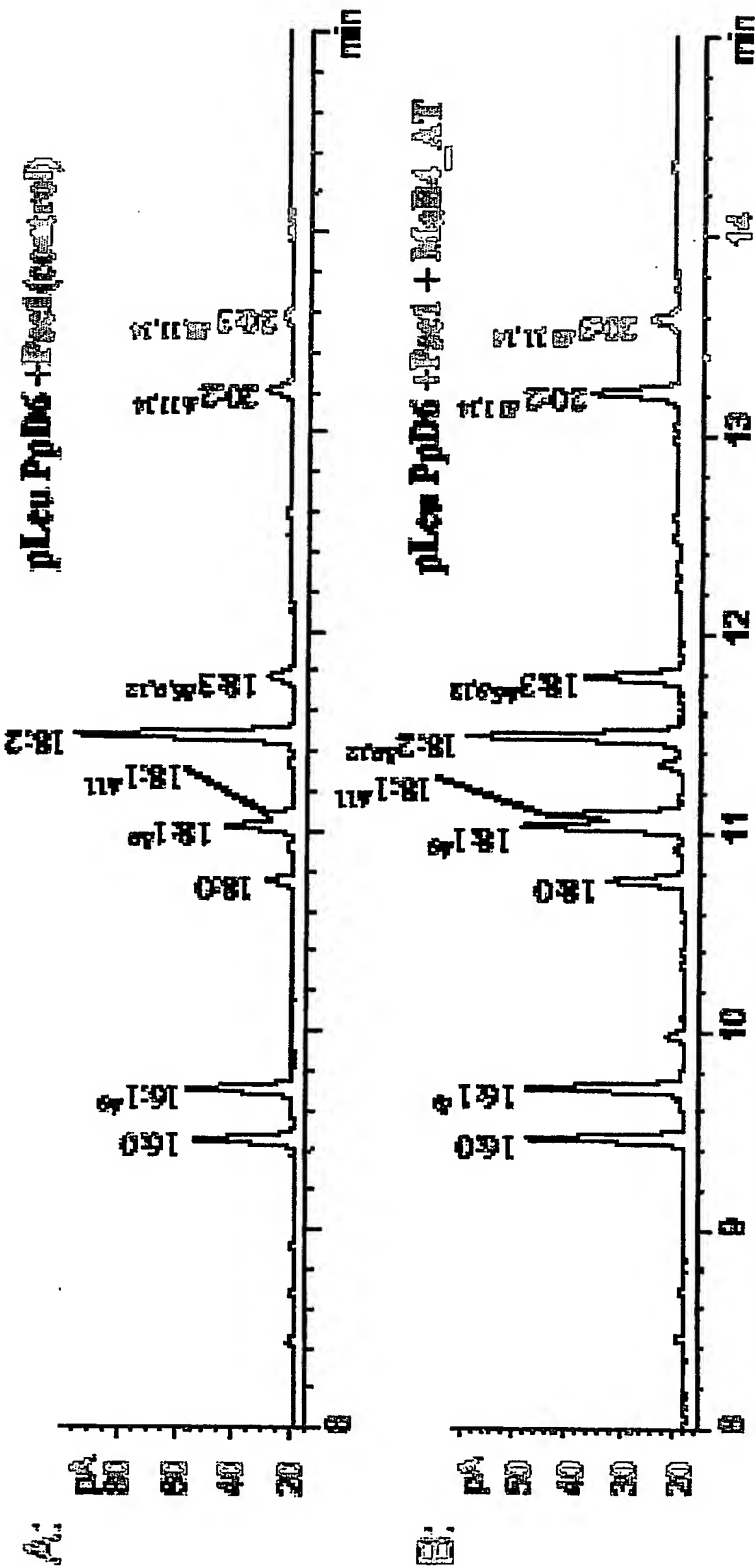
Figur 21: A. Western-Blot-Analysen der in *E. coli* als Fusionsprotein (LPAAT-FP) mit N-terminalem GST- und C-terminalen His-tag exprimierten *Thraustochytrium*-LPAAT. B Acyl-CoA-Spezifität der als GST-Fusionsprotein exprimierten *Thraustochytrium*-LPAAT in *E. coli*.



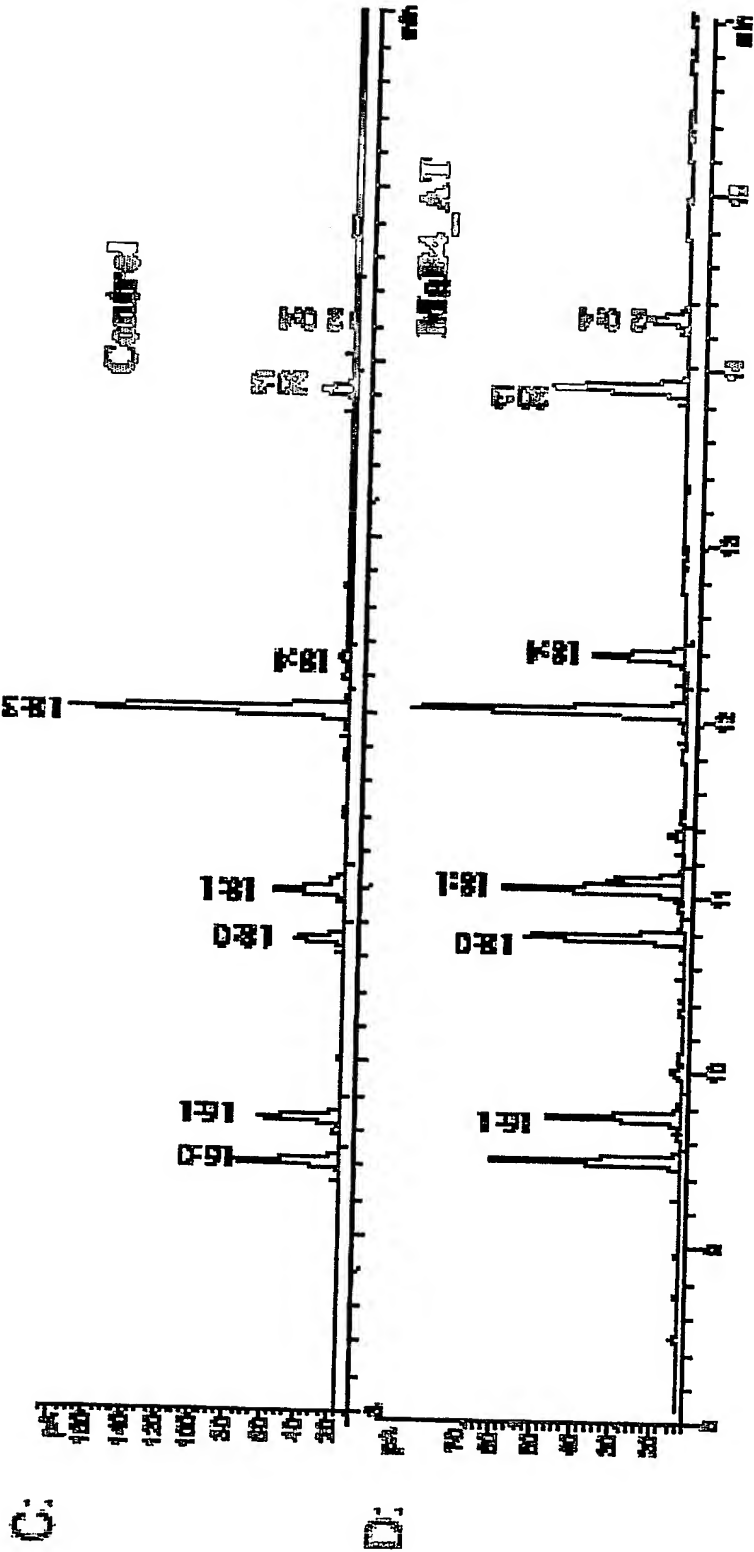
Figur 22: A: Western-Blot-Analyse der in *E. coli* als Fusionsprotein mit C-terminalen His-tag exprimierten *Shewanella*-LPAAT.
B: Funktionale Expression der *Shewanella*-LPAAT in *E. coli*



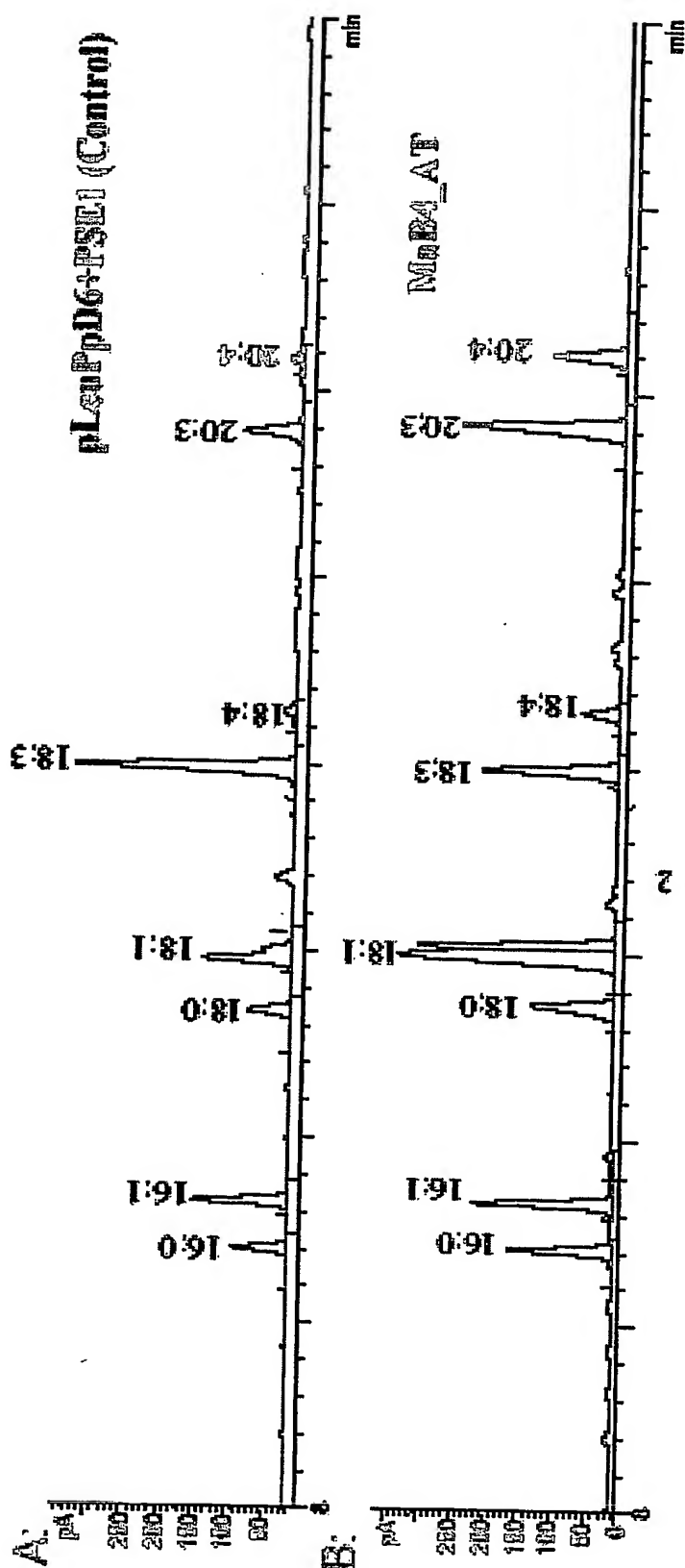
Figur 23: Expression von Mortierella LPAAT (MaB4_AT) in Hefe und Fütterung von 18:2 Δ9,12 Fettsäuren (A + B)



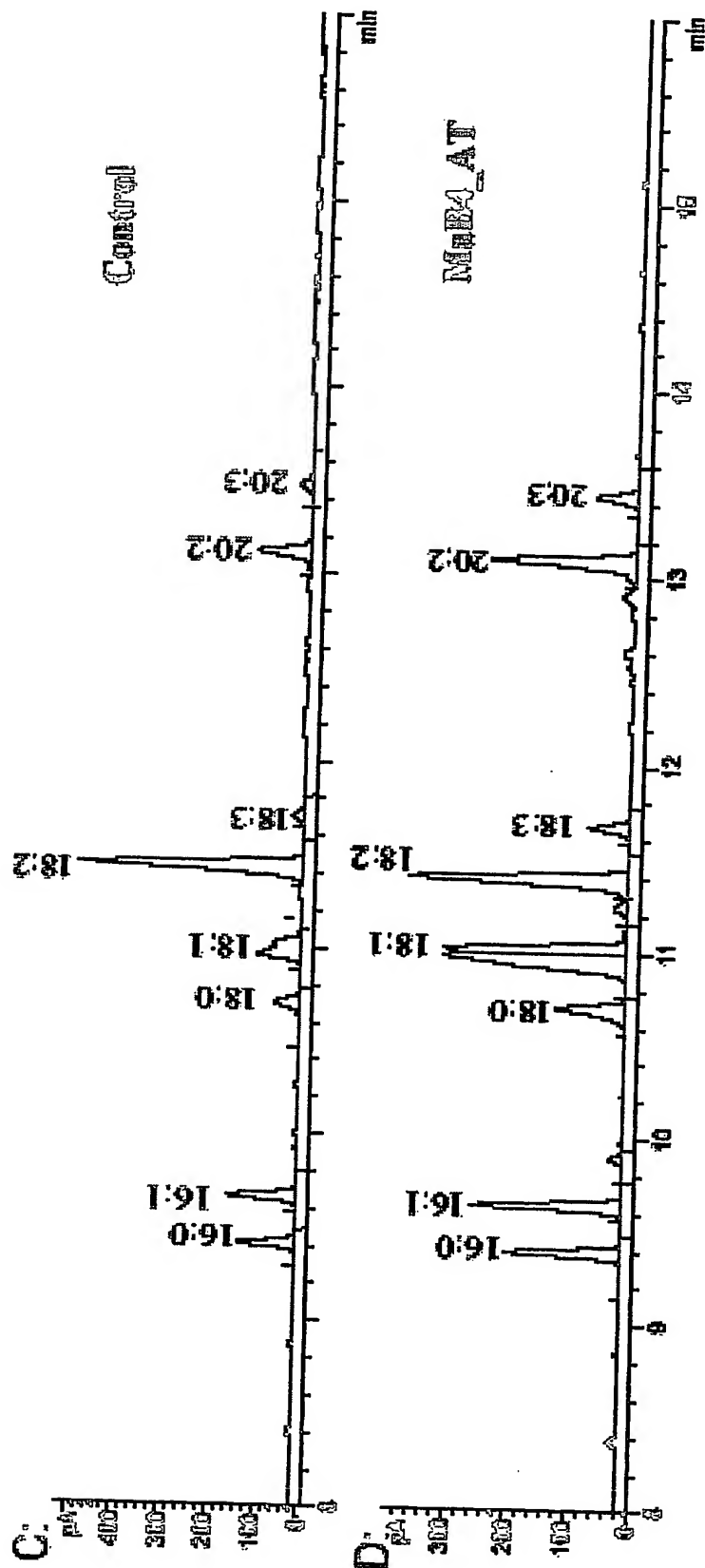
Figur 24: Expression von Mortierella LPAAT (MaB4_AT) in Hefe und Fütterung von 18:3 Δ9,12,15 Fettsäuren (C + D)



Figur 25: Expression von Mortierella LPAAT (MaB4_AT) in Hefe und Fütterung von 18:2 Δ 9,12 Fettsäuren (A + B). Analyse der Neutrallipide.



Figur 26: Expression von Mortierella LPAAT (MaB4_AT) in Hefe und Fütterung von 18:3 Δ 9,12,15 Fettsäuren (C + D). Analyse der Neutrallipide.



SEQUENCE LISTING

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Neue pflanzliche Acyltransferasen spezifisch für langkettige mehrfach ungesättigte Fettsäuren

<130> AE20011000

<140> AE20011000

<141> 2003-03-31

<160> 74

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1047

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (38)..(952)

<223> LPAAT

<400> 1

```

gggcggtgtc cggccgttcg agcgcgtgga cgccaac atg agc gcg tgg acg agg      55
                                   Met Ser Ala Trp Thr Arg
                                   1           5
gcc aag acc gcc gtg ggc ctc ctg acg ctg gcg cct gcg cgg ata gtg      103
Ala Lys Thr Ala Val Gly Leu Leu Thr Leu Ala Pro Ala Arg Ile Val
              10              15              20
ttc ctc gtg act gtc ctg ggc acg tac ggg ctc acg gtc gcg gcc tgc      151
Phe Leu Val Thr Val Leu Gly Thr Tyr Gly Leu Thr Val Ala Ala Cys
              25              30              35
acg cga ctt ggc gtc ccg aaa agc ttc gtg ctg ggc ctg acg cgg tgc      199
Thr Arg Leu Gly Val Pro Lys Ser Phe Val Leu Gly Leu Thr Arg Cys
              40              45              50
gtc gcg cga ctc acg ctc tgg ggg ctt ggg ttc tac cac att gag gtc      247
Val Ala Arg Leu Thr Leu Trp Gly Leu Gly Phe Tyr His Ile Glu Val
55              60              65              70
tct tgc gac gcc caa ggc ctt cgg gag tgg ccg cgc gtg att gtc gcg      295
Ser Cys Asp Ala Gln Gly Leu Arg Glu Trp Pro Arg Val Ile Val Ala
              75              80              85
aac cac gtc tcg tac ctg gag atc ttg tac ttc atg tcg acc gtg cac      343
Asn His Val Ser Tyr Leu Glu Ile Leu Tyr Phe Met Ser Thr Val His
              90              95              100
tgc ccg tct ttc gtc atg aag aag acc tgc ctc cga gtc ccg ctt gtc      391
Cys Pro Ser Phe Val Met Lys Lys Thr Cys Leu Arg Val Pro Leu Val
              105              110              115

```

2

ggc tac att gcc atg gag ctg ggc ggt gtg att gtg gac cgc gag ggc 439
 Gly Tyr Ile Ala Met Glu Leu Gly Gly Val Ile Val Asp Arg Glu Gly
 120 125 130
 ggc ggt caa agc gca tcg gcg atc att cgc gac cgc gtg cag gag cct 487
 Gly Gly Gln Ser Ala Ser Ala Ile Ile Arg Asp Arg Val Gln Glu Pro
 135 140 145 150
 cct cga gat tcg tcg agc gag aag cac cac gcg cag ccg ctt ctt gtg 535
 Pro Arg Asp Ser Ser Ser Glu Lys His His Ala Gln Pro Leu Leu Val
 155 160 165
 ttc ccc gag ggg acc acc acc aat gga agc tgc ctg ctc caa ttc aag 583
 Phe Pro Glu Gly Thr Thr Thr Asn Gly Ser Cys Leu Leu Gln Phe Lys
 170 175 180
 acg gga gcc ttt cgt cct ggg gct ccg gtg ctt ccg gtc gtg ctt gag 631
 Thr Gly Ala Phe Arg Pro Gly Ala Pro Val Leu Pro Val Val Leu Glu
 185 190 195
 ttt ccg att gac aaa gcg cgt ggt gac ttt tcc ccg gcg tac gaa tcg 679
 Phe Pro Ile Asp Lys Ala Arg Gly Asp Phe Ser Pro Ala Tyr Glu Ser
 200 205 210
 gtc cac acg cca gct cac ctc ctt cgc atg ctc gca caa tgg agg cac 727
 Val His Thr Pro Ala His Leu Leu Arg Met Leu Ala Gln Trp Arg His
 215 220 225 230
 cgg ctt cgg gtg cgc tat ctt cct ctg tat gag ccc tct gcg gct gag 775
 Arg Leu Arg Val Arg Tyr Leu Pro Leu Tyr Glu Pro Ser Ala Ala Glu
 235 240 245
 aag gtt gat gca gac ctt tat gcg cgg aac gtg cgc gac gaa atg gcg 823
 Lys Val Asp Ala Asp Leu Tyr Ala Arg Asn Val Arg Asp Glu Met Ala
 250 255 260
 cgc gcg ctc aag gta ccc act gtg gag cag tct tac cgc gac aag ctc 871
 Arg Ala Leu Lys Val Pro Thr Val Glu Gln Ser Tyr Arg Asp Lys Leu
 265 270 275
 gtc tac cac gcg gat ctc atg ccg cac tac cag aag gcc ggc ccc gga 919
 Val Tyr His Ala Asp Leu Met Pro His Tyr Gln Lys Ala Gly Pro Gly
 280 285 290
 gcg ctc tat ctg tac gtc cga cct gac ctc ttg tagcactcat gcgcgtccca 972
 Ala Leu Tyr Leu Tyr Val Arg Pro Asp Leu Leu
 295 300 305
 agcgggtccag caacgggaga ttaaaacacg atttcttagc ctacaaaaaa aaaaaaaaaa 1032
 aaaaaaaaaa aaaaaa 1047

<210> 2

<211> 305

<212> PRT

<213> Thraustochytrium

<400> 2

Met Ser Ala Trp Thr Arg Ala Lys Thr Ala Val Gly Leu Leu Thr Leu
 1 5 10 15
 Ala Pro Ala Arg Ile Val Phe Leu Val Thr Val Leu Gly Thr Tyr Gly
 20 25 30
 Leu Thr Val Ala Ala Cys Thr Arg Leu Gly Val Pro Lys Ser Phe Val
 35 40 45

3

Leu Gly Leu Thr Arg Cys Val Ala Arg Leu Thr Leu Trp Gly Leu Gly
 50 55 60
 Phe Tyr His Ile Glu Val Ser Cys Asp Ala Gln Gly Leu Arg Glu Trp
 65 70 75 80
 Pro Arg Val Ile Val Ala Asn His Val Ser Tyr Leu Glu Ile Leu Tyr
 85 90 95
 Phe Met Ser Thr Val His Cys Pro Ser Phe Val Met Lys Lys Thr Cys
 100 105 110
 Leu Arg Val Pro Leu Val Gly Tyr Ile Ala Met Glu Leu Gly Gly Val
 115 120 125
 Ile Val Asp Arg Glu Gly Gly Gln Ser Ala Ser Ala Ile Ile Arg
 130 135 140
 Asp Arg Val Gln Glu Pro Pro Arg Asp Ser Ser Glu Lys His His
 145 150 155 160
 Ala Gln Pro Leu Leu Val Phe Pro Glu Gly Thr Thr Asn Gly Ser
 165 170 175
 Cys Leu Leu Gln Phe Lys Thr Gly Ala Phe Arg Pro Gly Ala Pro Val
 180 185 190
 Leu Pro Val Val Leu Glu Phe Pro Ile Asp Lys Ala Arg Gly Asp Phe
 195 200 205
 Ser Pro Ala Tyr Glu Ser Val His Thr Pro Ala His Leu Leu Arg Met
 210 215 220
 Leu Ala Gln Trp Arg His Arg Leu Arg Val Arg Tyr Leu Pro Leu Tyr
 225 230 235 240
 Glu Pro Ser Ala Ala Glu Lys Val Asp Ala Asp Leu Tyr Ala Arg Asn
 245 250 255
 Val Arg Asp Glu Met Ala Arg Ala Leu Lys Val Pro Thr Val Glu Gln
 260 265 270
 Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Val Tyr His Ala Asp Leu Met Pro His Tyr
 275 280 285
 Gln Lys Ala Gly Pro Gly Ala Leu Tyr Leu Tyr Val Arg Pro Asp Leu
 290 295 300
 Leu
 305

<210> 3

<211> 1701

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> misc_feature

<223> LPAAT

<400> 3

ggcacgaggg aaattggctt tctatgtggc cgtacttatt cgaggaggtc aacgaaacaa 60
 aggtatgtct tattaatgaa aatgtctcca cacatgtatg ttgttttaggt atattctgtc 120
 aactgaaaac ttgttttaat tttttcttaa attgaaattc tgtgcctgaa agccaactct 180
 aggtccatca taatgtagca atatgatcag aagcgctcaa atgtgtcgtg aaagtttgct 240
 tttgcaatth tcttttgctg ttaacctatt gattatgttg gaaccacaat acagacgctg 300

4

```

cttcacttca ttcttatggc aatgaatgtc gtgatgattc cggttaattt catcctacag      360
ggatatggat gttgtaaagg tgattttttgc aggtgataaa gtacctaaagg agaaccgtgt      420
gatggcatg  tgcaaccatc gtaccgaagt ggactggatg tacatttgga acttagcaat      480
tcggaaaggc aagattgggt actgcaagta tgcggtgaag aactcagtga aaaacttacc      540
cttgttttgt tgggcatttt acgtttttga gtttctgatg ctgcatagaa agtgggaagt      600
ggatgctccc gtcacaaaga catacattga cagttttcaa gataaaagag atcctctctg      660
gctagtctg  tttcctgaag gcacagattt ttcgtaaggc tgaagtaccc atccatggct      720
ttgatgtata tctgcaatct tctctataat ctgcatttat tctctgttgt ttctctagca      780
agtaaatcat acttgcttaa tgtacttagc aatttgtcat ttttgactta ttgtgatgta      840
aatgtgattg actactatga cagtgaagcg aaacgggaca cgggcaatgc aattggaaga      900
gagaaaggct atccggagct tgtcaatgtg cttcaacctc gcactcgtgg ctttgtgact      960
tgcctttctc aatcgcgctg ctctttggat gcagtttatg acctcactat agggtagaag     1020
aagcgggtgc ccttgttcat caacaatgta ttcggaaccg atccatcgga agtgcacatt     1080
cacattcgcc gaataccaat ttctgagatt cctcaatcag aagacgggat gacgcagtgg     1140
ctgtatgata tattttatca aaaggaccag atgttgacca gtttttagtaa gacaggctct     1200
ttccctgaca gtggaattga agagagccct ttgaacatag tggaagggtgt ttgcaatggt     1260
gctctacacg tagtccttag cggttgggta ttctggtgct tgtttcattc ggtttggttg     1320
aagctttatg tggctttcgc tagtttgctg ctgcggttta gtacctattt tgattggaga     1380
cctaaaccgg tttactctag tctacgtact aaaagaaaaa tcgtgtaaaa taaattcggt     1440
agttgtaatt ggtttgttta ttccgattcc aaagctgagt ttaagggtga ggctcctctt     1500
taagctgatt tttgctatta attggctgct cccttgtttg tctgccgtaa attggcttta     1560
atacggttgt cttctgctga tgaacctcag tgcttcaaga cgatgtggcc ttttagcctt     1620
ctcctttacc catcttgacc agatgccaaa ctcgcaataa agcagatcaa taggtcgtgc     1680
cccaaaaaaa aaaaaaaaaa a

```

<210> 4

<211> 714

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(714)

<223> LPAAT

<400> 4

```

atg gct ttg atg tat atc tgc aat ctt ctc tat aat ctg cat tta ttc      48
Met Ala Leu Met Tyr Ile Cys Asn Leu Leu Tyr Asn Leu His Leu Phe
1          5          10          15
tct gtt gtt tct cta gca agt aaa tca tac ttg ctt aat gta ctt agc      96
Ser Val Val Ser Leu Ala Ser Lys Ser Tyr Leu Leu Asn Val Leu Ser
20          25          30
aat ttg tca ttt ttg act tat tgt gat gta aat gtg att gac tac tat     144
Asn Leu Ser Phe Leu Thr Tyr Cys Asp Val Asn Val Ile Asp Tyr Tyr
35          40          45
gac agt gaa gcg aaa cgg gac acg ggc aat gca att gga aga gag aaa     192
Asp Ser Glu Ala Lys Arg Asp Thr Gly Asn Ala Ile Gly Arg Glu Lys
50          55          60
ggc tat ccg gag ctt gtc aat gtg ctt caa cct cgc act cgt ggc ttt     240
Gly Tyr Pro Glu Leu Val Asn Val Leu Gln Pro Arg Thr Arg Gly Phe

```

5

65 70 75 80
 gtg act tgc ctt tct caa tcg cgc tgc tct ttg gat gca gtt tat gac 288
 Val Thr Cys Leu Ser Gln Ser Arg Cys Ser Leu Asp Ala Val Tyr Asp
 85 90 95
 ctc act ata ggg tac aag aag cgg tgt ccc ttg ttc atc aac aat gta 336
 Leu Thr Ile Gly Tyr Lys Lys Arg Cys Pro Leu Phe Ile Asn Asn Val
 100 105 110
 ttc gga acc gat cca tcg gaa gtg cac att cac att cgc cga ata cca 384
 Phe Gly Thr Asp Pro Ser Glu Val His Ile His Ile Arg Arg Ile Pro
 115 120 125
 att tct gag att cct caa tca gaa gac ggt atg acg cag tgg ctg tat 432
 Ile Ser Glu Ile Pro Gln Ser Glu Asp Gly Met Thr Gln Trp Leu Tyr
 130 135 140
 gat cta ttt tat caa aag gac cag atg ttg gcc agt ttt agt aag aca 480
 Asp Leu Phe Tyr Gln Lys Asp Gln Met Leu Ala Ser Phe Ser Lys Thr
 145 150 155 160
 ggc tct ttc cct gac agt gga att gaa gag agc cct ttg aac ata gtg 528
 Gly Ser Phe Pro Asp Ser Gly Ile Glu Glu Ser Pro Leu Asn Ile Val
 165 170 175
 gaa ggt gtt tgc aat gtt gct cta cac gta gtc ctt agc ggt tgg gta 576
 Glu Gly Val Cys Asn Val Ala Leu His Val Val Leu Ser Gly Trp Val
 180 185 190
 ttc tgg tgc ttg ttt cat tcg gtt tgg ttg aag ctt tat gtg gct ttc 624
 Phe Trp Cys Leu Phe His Ser Val Trp Leu Lys Leu Tyr Val Ala Phe
 195 200 205
 gct agt ttg ctg ctc gcg ttt agt acc tat ttt gat tgg aga cct aaa 672
 Ala Ser Leu Leu Leu Ala Phe Ser Thr Tyr Phe Asp Trp Arg Pro Lys
 210 215 220
 ccg gtt tac tct agt cta cgt act aaa aga aaa atc gtg taa 714
 Pro Val Tyr Ser Ser Leu Arg Thr Lys Arg Lys Ile Val
 225 230 235

<210> 5

<211> 237

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 5

Met Ala Leu Met Tyr Ile Cys Asn Leu Leu Tyr Asn Leu His Leu Phe
 1 5 10 15
 Ser Val Val Ser Leu Ala Ser Lys Ser Tyr Leu Leu Asn Val Leu Ser
 20 25 30
 Asn Leu Ser Phe Leu Thr Tyr Cys Asp Val Asn Val Ile Asp Tyr Tyr
 35 40 45
 Asp Ser Glu Ala Lys Arg Asp Thr Gly Asn Ala Ile Gly Arg Glu Lys
 50 55 60
 Gly Tyr Pro Glu Leu Val Asn Val Leu Gln Pro Arg Thr Arg Gly Phe
 65 70 75 80
 Val Thr Cys Leu Ser Gln Ser Arg Cys Ser Leu Asp Ala Val Tyr Asp
 85 90 95

6

Leu Thr Ile Gly Tyr Lys Lys Arg Cys Pro Leu Phe Ile Asn Asn Val
 100 105 110
 Phe Gly Thr Asp Pro Ser Glu Val His Ile His Ile Arg Arg Ile Pro
 115 120 125
 Ile Ser Glu Ile Pro Gln Ser Glu Asp Gly Met Thr Gln Trp Leu Tyr
 130 135 140
 Asp Leu Phe Tyr Gln Lys Asp Gln Met Leu Ala Ser Phe Ser Lys Thr
 145 150 155 160
 Gly Ser Phe Pro Asp Ser Gly Ile Glu Glu Ser Pro Leu Asn Ile Val
 165 170 175
 Glu Gly Val Cys Asn Val Ala Leu His Val Val Leu Ser Gly Trp Val
 180 185 190
 Phe Trp Cys Leu Phe His Ser Val Trp Leu Lys Leu Tyr Val Ala Phe
 195 200 205
 Ala Ser Leu Leu Leu Ala Phe Ser Thr Tyr Phe Asp Trp Arg Pro Lys
 210 215 220
 Pro Val Tyr Ser Ser Leu Arg Thr Lys Arg Lys Ile Val
 225 230 235

<210> 6

<211> 507

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> misc_feature

<223> LPAAT

<400> 6

```

accagggtcga gatgccatt attggactgt ttttgcaagc tttgcaaata ataccggtgg      60
accggactga tgctcagtct aggcaccatg cggctggcaa cgttcggcga agggctgtgg      120
acaatatgtg gtcccacgtc atgttggtcc cggagggcac taccaccaat ggcagagcaa      180
taatcgctt caaaacagga gcattttcgc ctggtctccc tgtgcagcca atggttatta      240
gataccctca caagtatgtc aaccctctt ggtgtgacca aggaggtccg ttggtcgttg      300
tggtgcagct gatgactcag ttcattcaacc acatggagggt tgaatatttg ccggtcatga      360
agccaactgt gagagagatg aaataccctc atgaattcgc aagtagagtt cgcagcgaga      420
tggctaaagc gttaggcatc gtgtgcacag aacacagctt tctggatatt aagctagcgc      480
tggctgcaga aaagctcaaa cagcctt                                     507
  
```

<210> 7

<211> 1566

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1566)

<223> LPAAT

<400> 7

```

atg gag agc aca gca gat gtc gga atg tcc gac gac gat cct atc ctt      48
Met Glu Ser Thr Ala Asp Val Gly Met Ser Asp Asp Asp Pro Ile Leu
1          5          10          15
ctc aac ggg ctc gaa acg cca cta ctg gct gaa ttt cct ctt ggc gaa      96
Leu Asn Gly Leu Glu Thr Pro Leu Leu Ala Glu Phe Pro Leu Gly Glu
20          25          30
cgg cct aca ata ggg ccg gag gca cca gta aat ccc ttc cat gaa ccc      144
Arg Pro Thr Ile Gly Pro Glu Ala Pro Val Asn Pro Phe His Glu Pro
35          40          45
gat ggt ggt tgg aag acc aac aac gag tgg aat tac ttt caa atg atg      192
Asp Gly Gly Trp Lys Thr Asn Asn Glu Trp Asn Tyr Phe Gln Met Met
50          55          60
aaa tcc att ttg ctg att cca ctt ctt ctc gtt cgt cta gtg agc atg      240
Lys Ser Ile Leu Leu Ile Pro Leu Leu Leu Val Arg Leu Val Ser Met
65          70          75          80
ata aca atc gta gca ttt gga tat gtg tgg atc agg att tgt ctg atc      288
Ile Thr Ile Val Ala Phe Gly Tyr Val Trp Ile Arg Ile Cys Leu Ile
85          90          95
ggc gtc aca gat ccc ttg ttt aag cct ttc aat ccg tgt cga cgg ttc      336
Gly Val Thr Asp Pro Leu Phe Lys Pro Phe Asn Pro Cys Arg Arg Phe
100          105          110
atg ctg tgg ggc ata cgg tta gta gca aga gca gtg atg ttt acc atg      384
Met Leu Trp Gly Ile Arg Leu Val Ala Arg Ala Val Met Phe Thr Met
115          120          125
ggt tat tac tac att ccc atc aag gga aaa ccg gct cac cga tca gag      432
Gly Tyr Tyr Tyr Ile Pro Ile Lys Gly Lys Pro Ala His Arg Ser Glu
130          135          140
gcg ccc att att gtg tcc aat cac att gga ttt ctg gat ccc atc ttt      480
Ala Pro Ile Ile Val Ser Asn His Ile Gly Phe Leu Asp Pro Ile Phe
145          150          155          160
gtg ttc tat cgg cac ttg ccg gcc atc gtc tca gcc aag gag aac gtc      528
Val Phe Tyr Arg His Leu Pro Ala Ile Val Ser Ala Lys Glu Asn Val
165          170          175
gag atg ccc att att gga ctg ttt ttg caa gct ttg caa ata ata ccc      576
Glu Met Pro Ile Ile Gly Leu Phe Leu Gln Ala Leu Gln Ile Ile Pro
180          185          190
gtg gac cgg act gat gct cag tct agg cac cac gcg gct ggc aac gtt      624
Val Asp Arg Thr Asp Ala Gln Ser Arg His His Ala Ala Gly Asn Val
195          200          205
cgg cga agg gct gtg gac aat atg tgg tcc cac gtc atg ttg ttc ccg      672
Arg Arg Arg Ala Val Asp Asn Met Trp Ser His Val Met Leu Phe Pro
210          215          220
cag ggc act acc acc aat ggc aga gca ata atc gcc ttc aaa aca gga      720
Gln Gly Thr Thr Thr Asn Gly Arg Ala Ile Ile Ala Phe Lys Thr Gly
225          230          235          240
gca ttt tcg cct ggt ctc cct gtg cag cca atg gtt att aga tac cct      768
Ala Phe Ser Pro Gly Leu Pro Val Gln Pro Met Val Ile Arg Tyr Pro
245          250          255
cac aag tat gtc aac ccc tct tgg tgt gac caa gga ggt ccg ttg gtc      816

```

8

His Lys Tyr Val Asn Pro Ser Trp Cys Asp Gln Gly Gly Pro Leu Val
 260 265 270
 gtt gtg ttg cag ctg atg act cag ttc atc aac cac atg gag gtt gaa 864
 Val Val Leu Gln Leu Met Thr Gln Phe Ile Asn His Met Glu Val Glu
 275 280 285
 tat ttg ccg gtc atg aag cca act gtg aga gag atg aaa tac cct cat 912
 Tyr Leu Pro Val Met Lys Pro Thr Val Arg Glu Met Lys Tyr Pro His
 290 295 300
 gaa ttc gca agt aga gtt cgc agc gag atg gct aaa gcg tta ggc atc 960
 Glu Phe Ala Ser Arg Val Arg Ser Glu Met Ala Lys Ala Leu Gly Ile
 305 310 315 320
 gtg tgc aca gaa cac agc ttt ctg gat att aag cta gcg ctg gct gca 1008
 Val Cys Thr Glu His Ser Phe Leu Asp Ile Lys Leu Ala Leu Ala Ala
 325 330 335
 gaa aag ctc aaa cag cct tca ggt cgg tcg ttg gtt gag ttt gct cgc 1056
 Glu Lys Leu Lys Gln Pro Ser Gly Arg Ser Leu Val Glu Phe Ala Arg
 340 345 350
 atg gag aag tta ttt cgg ctg gat ttt cct acg gcg aag gaa tac ttg 1104
 Met Glu Lys Leu Phe Arg Leu Asp Phe Pro Thr Ala Lys Glu Tyr Leu
 355 360 365
 gaa aag ttc agc gcc atg gac cgc aca cac agt ggc ttt gtt aca ttt 1152
 Glu Lys Phe Ser Ala Met Asp Arg Thr His Ser Gly Phe Val Thr Phe
 370 375 380
 gag gag tta tgt acg gca ctg gat ctt cca cgc tca cca att act aag 1200
 Glu Glu Leu Cys Thr Ala Leu Asp Leu Pro Arg Ser Pro Ile Thr Lys
 385 390 395 400
 cag gtg ttc aac ctt ttc gat aag gat ggg cat gga agc ata aac ttt 1248
 Gln Val Phe Asn Leu Phe Asp Lys Asp Gly His Gly Ser Ile Asn Phe
 405 410 415
 cga gag ttt ttg gca ggg ctc gcc ttt gtg tcc agc cac aca tca ttt 1296
 Arg Glu Phe Leu Ala Gly Leu Ala Phe Val Ser Ser His Thr Ser Phe
 420 425 430
 tca agt aca atg gag gct gca ttt aaa gca tgt gat gtg aat ggc gat 1344
 Ser Ser Thr Met Glu Ala Ala Phe Lys Ala Cys Asp Val Asn Gly Asp
 435 440 445
 ggc act ctt tct cgt gat gaa gtg gag agg agt ttg ctt gat atc ttt 1392
 Gly Thr Leu Ser Arg Asp Glu Val Glu Arg Ser Leu Leu Asp Ile Phe
 450 455 460
 cca gag ctc cct cca ata acg gtg ttc aag ctt ttt gac acg tta gat 1440
 Pro Glu Leu Pro Pro Ile Thr Val Phe Lys Leu Phe Asp Thr Leu Asp
 465 470 475 480
 ata aat cat gat gag aaa atc agc tgg gag gag ttc agt agc ttt ctg 1488
 Ile Asn His Asp Glu Lys Ile Ser Trp Glu Glu Phe Ser Ser Phe Leu
 485 490 495
 cag cga aac cca gag tat ctg gcc atc att ata tat gcg cac cct act 1536
 Gln Arg Asn Pro Glu Tyr Leu Ala Ile Ile Tyr Ala His Pro Thr
 500 505 510
 ctg ctg aag cca ccc aca tcg act agc tga 1566
 Leu Leu Lys Pro Pro Thr Ser Thr Ser
 515 520
 <210> 8
 <211> 521

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 8

```

Met Glu Ser Thr Ala Asp Val Gly Met Ser Asp Asp Asp Pro Ile Leu
1      5      10      15
Leu Asn Gly Leu Glu Thr Pro Leu Leu Ala Glu Phe Pro Leu Gly Glu
20      25      30
Arg Pro Thr Ile Gly Pro Glu Ala Pro Val Asn Pro Phe His Glu Pro
35      40      45
Asp Gly Gly Trp Lys Thr Asn Asn Glu Trp Asn Tyr Phe Gln Met Met
50      55      60
Lys Ser Ile Leu Leu Ile Pro Leu Leu Leu Val Arg Leu Val Ser Met
65      70      75      80
Ile Thr Ile Val Ala Phe Gly Tyr Val Trp Ile Arg Ile Cys Leu Ile
85      90      95
Gly Val Thr Asp Pro Leu Phe Lys Pro Phe Asn Pro Cys Arg Arg Phe
100     105     110
Met Leu Trp Gly Ile Arg Leu Val Ala Arg Ala Val Met Phe Thr Met
115     120     125
Gly Tyr Tyr Tyr Ile Pro Ile Lys Gly Lys Pro Ala His Arg Ser Glu
130     135     140
Ala Pro Ile Ile Val Ser Asn His Ile Gly Phe Leu Asp Pro Ile Phe
145     150     155     160
Val Phe Tyr Arg His Leu Pro Ala Ile Val Ser Ala Lys Glu Asn Val
165     170     175
Glu Met Pro Ile Ile Gly Leu Phe Leu Gln Ala Leu Gln Ile Ile Pro
180     185     190
Val Asp Arg Thr Asp Ala Gln Ser Arg His His Ala Ala Gly Asn Val
195     200     205
Arg Arg Arg Ala Val Asp Asn Met Trp Ser His Val Met Leu Phe Pro
210     215     220
Gln Gly Thr Thr Thr Asn Gly Arg Ala Ile Ile Ala Phe Lys Thr Gly
225     230     235     240
Ala Phe Ser Pro Gly Leu Pro Val Gln Pro Met Val Ile Arg Tyr Pro
245     250     255
His Lys Tyr Val Asn Pro Ser Trp Cys Asp Gln Gly Gly Pro Leu Val
260     265     270
Val Val Leu Gln Leu Met Thr Gln Phe Ile Asn His Met Glu Val Glu
275     280     285
Tyr Leu Pro Val Met Lys Pro Thr Val Arg Glu Met Lys Tyr Pro His
290     295     300
Glu Phe Ala Ser Arg Val Arg Ser Glu Met Ala Lys Ala Leu Gly Ile
305     310     315     320
Val Cys Thr Glu His Ser Phe Leu Asp Ile Lys Leu Ala Leu Ala Ala
325     330     335
Glu Lys Leu Lys Gln Pro Ser Gly Arg Ser Leu Val Glu Phe Ala Arg
340     345     350
Met Glu Lys Leu Phe Arg Leu Asp Phe Pro Thr Ala Lys Glu Tyr Leu
355     360     365
Glu Lys Phe Ser Ala Met Asp Arg Thr His Ser Gly Phe Val Thr Phe
370     375     380
Glu Glu Leu Cys Thr Ala Leu Asp Leu Pro Arg Ser Pro Ile Thr Lys

```

385					390					395				400	
Gln	Val	Phe	Asn	Leu	Phe	Asp	Lys	Asp	Gly	His	Gly	Ser	Ile	Asn	Phe
				405					410					415	
Arg	Glu	Phe	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Phe	Val	Ser	Ser	His	Thr	Ser	Phe
			420					425					430		
Ser	Ser	Thr	Met	Glu	Ala	Ala	Phe	Lys	Ala	Cys	Asp	Val	Asn	Gly	Asp
		435					440					445			
Gly	Thr	Leu	Ser	Arg	Asp	Glu	Val	Glu	Arg	Ser	Leu	Leu	Asp	Ile	Phe
	450				455						460				
Pro	Glu	Leu	Pro	Pro	Ile	Thr	Val	Phe	Lys	Leu	Phe	Asp	Thr	Leu	Asp
465					470				475						480
Ile	Asn	His	Asp	Glu	Lys	Ile	Ser	Trp	Glu	Glu	Phe	Ser	Ser	Phe	Leu
			485					490						495	
Gln	Arg	Asn	Pro	Glu	Tyr	Leu	Ala	Ile	Ile	Ile	Tyr	Ala	His	Pro	Thr
			500					505					510		
Leu	Leu	Lys	Pro	Pro	Thr	Ser	Thr	Ser							
		515					520								

<210> 9

<211> 2217

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (281)..(1837)

<223> LPAAT2

<400> 9

ggcgcgccag	aggacgagac	aagggggggcg	ctgtggactt	ggtacaactc	caaatgtggc		60
tctgaatcat	caactaaggg	tatggttata	caaagtgcgt	gccgccgaag	agacagacct		120
tcttggttac	ccaagactga	atgaagatgg	gaagtggaaac	gatatgatga	tggtcagag		180
acgagtggct	ccgagttttt	tggtactcag	taggaagttg	caagtggggg	ttgcatgctg		240
aagaatcgac	actgcacagg	cctcaccatc	gacggatagc	atg acc agc acg gaa			295
				Met Thr Ser Thr Glu			
				1	5		
aat act gcg atg ttc aca gaa gac act agc act cta aac ggc tcc aca							343
Asn Thr Ala Met Phe Thr Glu Asp Thr Ser Thr Leu Asn Gly Ser Thr							
	10		15		20		
gag gca aat cat gct gag ttt cct ctt gga gag cgg ccg acg ata ggg							391
Glu Ala Asn His Ala Glu Phe Pro Leu Gly Glu Arg Pro Thr Ile Gly							
	25		30		35		
ccg gag cca cca gtg aac ccc ttc cac gag tcc agc acg tgg agc atc							439
Pro Glu Pro Pro Val Asn Pro Phe His Glu Ser Ser Thr Trp Ser Ile							
	40		45		50		
ccc caa gtg atc aag acc att ctg cta gtc ccc ttg ctc gtc ata cgc							487
Pro Gln Val Ile Lys Thr Ile Leu Leu Val Pro Leu Leu Val Ile Arg							
	55		60		65		
ttg ctc agc atg ttc gct ctc atg atg ttg ggc tac ata tgc gtc aag							535
Leu Leu Ser Met Phe Ala Leu Met Met Leu Gly Tyr Ile Cys Val Lys							

70	75	80	85	
gtc gct atg atc gga tgc aaa gac ccg ttg ttc aag cct ttc aat cct				583
Val Ala Met Ile Gly Cys Lys Asp Pro Leu Phe Lys Pro Phe Asn Pro				
90	95	100		
ttg cgg cga ctc ttg ttg gta agt gtg agg tta ata gca aga ggg gtg				631
Leu Arg Arg Leu Leu Val Ser Val Arg Leu Ile Ala Arg Gly Val				
105	110	115		
atg gtg gcc atg ggg tat tac tat atc ctc gtc aag gga aaa cca gcc				679
Met Val Ala Met Gly Tyr Tyr Tyr Ile Leu Val Lys Gly Lys Pro Ala				
120	125	130		
cac cgg tct gtg gcg ccc att atc gta tcc aac cac atc ggc ttt gtg				727
His Arg Ser Val Ala Pro Ile Ile Val Ser Asn His Ile Gly Phe Val				
135	140	145		
gat ccc att ttt gtg ttc tat agg cac ttg ccg gtc atc gtc tca gcc				775
Asp Pro Ile Phe Val Phe Tyr Arg His Leu Pro Val Ile Val Ser Ala				
150	155	160		
aag gaa att gtg gag atg ccc ata atc gga atg ttc tta caa gct ctg				823
Lys Glu Ile Val Glu Met Pro Ile Ile Gly Met Phe Leu Gln Ala Leu				
170	175	180		
cag atc ata cct gtg gac cga ata aac ccc gcg tcc agg cac cat gcg				871
Gln Ile Ile Pro Val Asp Arg Ile Asn Pro Ala Ser Arg His His Ala				
185	190	195		
gct gga aat atc cga cga aga gct atg gac aac gag tgg ccg cat gtc				919
Ala Gly Asn Ile Arg Arg Arg Ala Met Asp Asn Glu Trp Pro His Val				
200	205	210		
atg ctg ttt cca gag ggg act acc aca aat ggc aaa gcg ttg atc tcc				967
Met Leu Phe Pro Glu Gly Thr Thr Thr Asn Gly Lys Ala Leu Ile Ser				
215	220	225		
ttc aaa aca gga gca ttt tcg cct ggt cta cct gtg caa ccc atg gtc				1015
Phe Lys Thr Gly Ala Phe Ser Pro Gly Leu Pro Val Gln Pro Met Val				
230	235	240		
att aaa tac ccc cac aag tat gtg aat ccg tgt tgg tgt aac caa ggg				1063
Ile Lys Tyr Pro His Lys Tyr Val Asn Pro Cys Trp Cys Asn Gln Gly				
250	255	260		
ggg cca ttg gtc att ctc ttt cag ctg atg act cag ttt gta aat tac				1111
Gly Pro Leu Val Ile Leu Phe Gln Leu Met Thr Gln Phe Val Asn Tyr				
265	270	275		
atg gag gtg gag tat ttg cct gtg atg acg cca aat gtg cat gag att				1159
Met Glu Val Glu Tyr Leu Pro Val Met Thr Pro Asn Val His Glu Ile				
280	285	290		
aaa aat ccc cat gaa ttt gct aat aga gta cgg act gag atg gcc aaa				1207
Lys Asn Pro His Glu Phe Ala Asn Arg Val Arg Thr Glu Met Ala Lys				
295	300	305		
gcg ctg ggc gtt gtg tgc acg gaa cat aac ttt cta gat atc aaa cta				1255
Ala Leu Gly Val Val Cys Thr Glu His Asn Phe Leu Asp Ile Lys Leu				
310	315	320		
aaa atg gct gca gag aag ctc aag cag cct tca gga cgc tca ttg gtt				1303
Lys Met Ala Ala Glu Lys Leu Lys Gln Pro Ser Gly Arg Ser Leu Val				
330	335	340		
gaa ttc gca cgc atg gag aag ctt ttt cga ctg gac tat tcc aag gcc				1351
Glu Phe Ala Arg Met Glu Lys Leu Phe Arg Leu Asp Tyr Ser Lys Ala				
345	350	355		
cag gaa tac ttg gaa aaa ttc agt gct atg gat cct tca cac agt ggt				1399
Gln Glu Tyr Leu Glu Lys Phe Ser Ala Met Asp Pro Ser His Ser Gly				

12

360 365 370
 tat gtc aca tac gat gag ttc ctt aaa gca ctc cat ctt ccg ccc acc 1447
 Tyr Val Thr Tyr Asp Glu Phe Leu Lys Ala Leu His Leu Pro Pro Thr
 375 380 385
 cag atc act gag cag gtg ttc aac ctt ttc gac aag aac gga cac ggt 1495
 Gln Ile Thr Glu Gln Val Phe Asn Leu Phe Asp Lys Asn Gly His Gly
 390 395 400 405
 tct ata aac ttt cga gag ttt gtg gca ggg ctt gct ttc ctg tct acc 1543
 Ser Ile Asn Phe Arg Glu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe Leu Ser Thr
 410 415 420
 cac act tca ttc cag act aca atg aag gct gca ttc aaa gct tgt gat 1591
 His Thr Ser Phe Gln Thr Thr Met Lys Ala Ala Phe Lys Ala Cys Asp
 425 430 435
 gtg gat ggc gat ggc acc ctc act cgt aat gag gtg gaa agc agc ttg 1639
 Val Asp Gly Asp Gly Thr Leu Thr Arg Asn Glu Val Glu Ser Ser Leu
 440 445 450
 atg gcc gta ttc ccg gag ctc ccc cca gca acg gtg tta aaa ctt ttc 1687
 Met Ala Val Phe Pro Glu Leu Pro Pro Ala Thr Val Leu Lys Leu Phe
 455 460 465
 gac acg ctg gat tta aat cgt gac ggg agc att aac tgg gag gag ttc 1735
 Asp Thr Leu Asp Leu Asn Arg Asp Gly Ser Ile Asn Trp Glu Glu Phe
 470 475 480 485
 agc agc ttt ctg caa cga aat cct gag tat ttg gcc atc ata ttg gct 1783
 Ser Ser Phe Leu Gln Arg Asn Pro Glu Tyr Leu Ala Ile Ile Leu Ala
 490 495 500
 gca cac cct act ctg ttg cag gca cca aag tcg gaa gag agt gaa act 1831
 Ala His Pro Thr Leu Leu Gln Ala Pro Lys Ser Glu Glu Ser Glu Thr
 505 510 515
 aac atc tagagttctg tcaatcgata tctattagat catctctttc acatgctgtg 1887
 Asn Ile

 ggaccttttg gagctgcaat tcctcgagca tgatataacc actctattac agttgcgctt 1947
 agtgggtgca tcttctggat ttgaatcgac tcggggacat aaaagcagca gtgggtttgct 2007
 gtcaccgttg acatgggttta ggaacttagc atcgagatag atccttactt gagatcattt 2067
 tgtatttcca cagactattg ctgttaccag tagctctgct agagctagaa tttctatgat 2127
 gtggacgaaa gtcaacttat tcttaagaat caaaagttaa gctccggtct ttgtaacgtt 2187
 tttactgcaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2217

<210> 10

<211> 519

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 10

Met Thr Ser Thr Glu Asn Thr Ala Met Phe Thr Glu Asp Thr Ser Thr
 1 5 10 15
 Leu Asn Gly Ser Thr Glu Ala Asn His Ala Glu Phe Pro Leu Gly Glu
 20 25 30
 Arg Pro Thr Ile Gly Pro Glu Pro Pro Val Asn Pro Phe His Glu Ser
 35 40 45
 Ser Thr Trp Ser Ile Pro Gln Val Ile Lys Thr Ile Leu Leu Val Pro

13

50 55 60
 Leu Leu Val Ile Arg Leu Leu Ser Met Phe Ala Leu Met Met Leu Gly
 65 70 75 80
 Tyr Ile Cys Val Lys Val Ala Met Ile Gly Cys Lys Asp Pro Leu Phe
 85 90 95
 Lys Pro Phe Asn Pro Leu Arg Arg Leu Leu Val Ser Val Arg Leu
 100 105 110
 Ile Ala Arg Gly Val Met Val Ala Met Gly Tyr Tyr Tyr Ile Leu Val
 115 120 125
 Lys Gly Lys Pro Ala His Arg Ser Val Ala Pro Ile Ile Val Ser Asn
 130 135 140
 His Ile Gly Phe Val Asp Pro Ile Phe Val Phe Tyr Arg His Leu Pro
 145 150 155 160
 Val Ile Val Ser Ala Lys Glu Ile Val Glu Met Pro Ile Ile Gly Met
 165 170 175
 Phe Leu Gln Ala Leu Gln Ile Ile Pro Val Asp Arg Ile Asn Pro Ala
 180 185 190
 Ser Arg His His Ala Ala Gly Asn Ile Arg Arg Arg Ala Met Asp Asn
 195 200 205
 Glu Trp Pro His Val Met Leu Phe Pro Glu Gly Thr Thr Thr Asn Gly
 210 215 220
 Lys Ala Leu Ile Ser Phe Lys Thr Gly Ala Phe Ser Pro Gly Leu Pro
 225 230 235 240
 Val Gln Pro Met Val Ile Lys Tyr Pro His Lys Tyr Val Asn Pro Cys
 245 250 255
 Trp Cys Asn Gln Gly Gly Pro Leu Val Ile Leu Phe Gln Leu Met Thr
 260 265 270
 Gln Phe Val Asn Tyr Met Glu Val Glu Tyr Leu Pro Val Met Thr Pro
 275 280 285
 Asn Val His Glu Ile Lys Asn Pro His Glu Phe Ala Asn Arg Val Arg
 290 295 300
 Thr Glu Met Ala Lys Ala Leu Gly Val Val Cys Thr Glu His Asn Phe
 305 310 315 320
 Leu Asp Ile Lys Leu Lys Met Ala Ala Glu Lys Leu Lys Gln Pro Ser
 325 330 335
 Gly Arg Ser Leu Val Glu Phe Ala Arg Met Glu Lys Leu Phe Arg Leu
 340 345 350
 Asp Tyr Ser Lys Ala Gln Glu Tyr Leu Glu Lys Phe Ser Ala Met Asp
 355 360 365
 Pro Ser His Ser Gly Tyr Val Thr Tyr Asp Glu Phe Leu Lys Ala Leu
 370 375 380
 His Leu Pro Pro Thr Gln Ile Thr Glu Gln Val Phe Asn Leu Phe Asp
 385 390 395 400
 Lys Asn Gly His Gly Ser Ile Asn Phe Arg Glu Phe Val Ala Gly Leu
 405 410 415
 Ala Phe Leu Ser Thr His Thr Ser Phe Gln Thr Thr Met Lys Ala Ala
 420 425 430
 Phe Lys Ala Cys Asp Val Asp Gly Asp Gly Thr Leu Thr Arg Asn Glu
 435 440 445
 Val Glu Ser Ser Leu Met Ala Val Phe Pro Glu Leu Pro Pro Ala Thr
 450 455 460
 Val Leu Lys Leu Phe Asp Thr Leu Asp Leu Asn Arg Asp Gly Ser Ile
 465 470 475 480
 Asn Trp Glu Glu Phe Ser Ser Phe Leu Gln Arg Asn Pro Glu Tyr Leu

14

485
 Ala Ile Ile Leu Ala Ala His Pro Thr Leu Leu Gln Ala Pro Lys Ser
 500 505 510
 Glu Glu Ser Glu Thr Asn Ile
 515

<210> 11

<211> 1014

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1014)

<223> LPAAT

<400> 11

atg att atg atg gag gtg ctg tgg tgc gag ctt ata tgg ctg ctg gat	48
Met Ile Met Met Glu Val Leu Trp Ser Glu Leu Ile Trp Leu Leu Asp	
1 5 10 15	
tgg tgg gca aat gtg aag gtg aag gtt tac acg cca aag gag tgc tgg	96
Trp Trp Ala Asn Val Lys Val Lys Val Tyr Thr Pro Lys Glu Ser Trp	
20 25 30	
gag cac tta gga aag gag cac gca tta ctc att tgt aat cac cgc agt	144
Glu His Leu Gly Lys Glu His Ala Leu Leu Ile Cys Asn His Arg Ser	
35 40 45	
gac att gat tgg ctc gta gga tgg att att gcc cag aga ttg ggg tgt	192
Asp Ile Asp Trp Leu Val Gly Trp Ile Ile Ala Gln Arg Leu Gly Cys	
50 55 60	
cta ggt ggg act cga gct gtt atg aag aag tcc acc aaa ttt ctt ccg	240
Leu Gly Gly Thr Arg Ala Val Met Lys Lys Ser Thr Lys Phe Leu Pro	
65 70 75 80	
gtc att ggc tgg tct atg tgg ttt tca gag tat gtg ttt tta tca aga	288
Val Ile Gly Trp Ser Met Trp Phe Ser Glu Tyr Val Phe Leu Ser Arg	
85 90 95	
gat tgg gcc aaa gat gag aag gtc ttg aag aat ggt tat tca agt ctt	336
Asp Trp Ala Lys Asp Glu Lys Val Leu Lys Asn Gly Tyr Ser Ser Leu	
100 105 110	
aag ggc ttc ccc agg acc ttg tgg gtg gct ctt ttt gtg gaa ggc act	384
Lys Gly Phe Pro Arg Thr Leu Trp Val Ala Leu Phe Val Glu Gly Thr	
115 120 125	
cga ttt acg aag gct aaa ctt gag gtt gcc caa aaa ttt gcg gcg gat	432
Arg Phe Thr Lys Ala Lys Leu Glu Val Ala Gln Lys Phe Ala Ala Asp	
130 135 140	
aca ggg cta cgt gtt cca agg tat gtg ctt gtt cct cgc aca aaa ggg	480
Thr Gly Leu Arg Val Pro Arg Tyr Val Leu Val Pro Arg Thr Lys Gly	
145 150 155 160	
ttc gtt tgc gct gtg gag aac ttg cgt gaa ttt gtt ccg gta gtt tat	528
Phe Val Ser Ala Val Glu Asn Leu Arg Glu Phe Val Pro Val Val Tyr	
165 170 175	
gac atg acc gtt gct ata tct aaa gag ctg ccc aat cct aca atg atc	576

15

Asp Met Thr Val Ala Ile Ser Lys Glu Leu Pro Asn Pro Thr Met Ile
 180 185 190
 cgg att ttc aga ggg caa cca tct gtg gtt cat gtg tac gtg agg cgg 624
 Arg Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ser Val Val His Val Tyr Val Arg Arg
 195 200 205
 gtc cct atg tct gat ctg cct gag gga gcc aac gcg att tct aaa tgg 672
 Val Pro Met Ser Asp Leu Pro Glu Gly Ala Asn Ala Ile Ser Lys Trp
 210 215 220
 tgt cac gat gcc ttt cac atc aag gac gat cgg ctg gag cag cac gaa 720
 Cys His Asp Ala Phe His Ile Lys Asp Asp Arg Leu Glu Gln His Glu
 225 230 235 240
 aaa gag aat acg ttt ggg gag gac ttg tat att cct att gaa cgg cca 768
 Lys Glu Asn Thr Phe Gly Glu Asp Leu Tyr Ile Pro Ile Glu Arg Pro
 245 250 255
 ctt aaa cct ctt att att gtg atc tcc tgg gcc atc act ttg ctg gct 816
 Leu Lys Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu Leu Ala
 260 265 270
 gca gca tgg tgg ttt cta aga cga gtt tta tcc act tgg aaa gga atc 864
 Ala Ala Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys Gly Ile
 275 280 285
 gcc tgg gtg gca gga gta ctc gtg gtc gtc atg ctg tgt gtc cag att 912
 Ala Trp Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val Gln Ile
 290 295 300
 tta gtg atg tcg tca caa tcg gaa aga agt tca gat cct gca gct aag 960
 Leu Val Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala Ala Lys
 305 310 315 320
 aag gcc aat caa aaa cag gcg gct tct gtt gct cac ctc ggc aaa acg 1008
 Lys Ala Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly Lys Thr
 325 330 335
 gac tga
 Asp 1014

<210> 12

<211> 337

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 12

Met Ile Met Met Glu Val Leu Trp Ser Glu Leu Ile Trp Leu Leu Asp
 1 5 10 15
 Trp Trp Ala Asn Val Lys Val Lys Val Tyr Thr Pro Lys Glu Ser Trp
 20 25 30
 Glu His Leu Gly Lys Glu His Ala Leu Leu Ile Cys Asn His Arg Ser
 35 40 45
 Asp Ile Asp Trp Leu Val Gly Trp Ile Ile Ala Gln Arg Leu Gly Cys
 50 55 60
 Leu Gly Gly Thr Arg Ala Val Met Lys Lys Ser Thr Lys Phe Leu Pro
 65 70 75 80
 Val Ile Gly Trp Ser Met Trp Phe Ser Glu Tyr Val Phe Leu Ser Arg
 85 90 95
 Asp Trp Ala Lys Asp Glu Lys Val Leu Lys Asn Gly Tyr Ser Ser Leu

16

100 105 110
 Lys Gly Phe Pro Arg Thr Leu Trp Val Ala Leu Phe Val Glu Gly Thr
 115 120 125
 Arg Phe Thr Lys Ala Lys Leu Glu Val Ala Gln Lys Phe Ala Ala Asp
 130 135 140
 Thr Gly Leu Arg Val Pro Arg Tyr Val Leu Val Pro Arg Thr Lys Gly
 145 150 155 160
 Phe Val Ser Ala Val Glu Asn Leu Arg Glu Phe Val Pro Val Val Tyr
 165 170 175
 Asp Met Thr Val Ala Ile Ser Lys Glu Leu Pro Asn Pro Thr Met Ile
 180 185 190
 Arg Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ser Val Val His Val Tyr Val Arg Arg
 195 200 205
 Val Pro Met Ser Asp Leu Pro Glu Gly Ala Asn Ala Ile Ser Lys Trp
 210 215 220
 Cys His Asp Ala Phe His Ile Lys Asp Asp Arg Leu Glu Gln His Glu
 225 230 235 240
 Lys Glu Asn Thr Phe Gly Glu Asp Leu Tyr Ile Pro Ile Glu Arg Pro
 245 250 255
 Leu Lys Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu Leu Ala
 260 265 270
 Ala Ala Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys Gly Ile
 275 280 285
 Ala Trp Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val Gln Ile
 290 295 300
 Leu Val Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala Ala Lys
 305 310 315 320
 Lys Ala Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly Lys Thr
 325 330 335
 Asp

<210> 13

<211> 643

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> misc_feature

<223> LPAAT2

<400> 13

```

-ggcgcgccag aggacgagac aaggggagtc aattggaatg cctgaagacc tgcattgaaac      60
tggttaaaga aggtgtgtct gctctgtttt tccctgaggg cacaaggaca acggatggag      120
caatggctgc cttcaagaaa ggagctttct ctgtggcggc caagggaggt gtgtcagttg      180
tacctataac gttaattggc tcaggcaagt tgatgccaaa tggtttagaa tacaattac      240
ggcctggcgt tgtgaaaatg attgtccacc cagctatccg cagtaaaaat gccgatgagc      300
tttgtgatca gtctaggaag gttattgcag agaccttgat caaacacggt cttcctgttc      360
attagttgct gtgattgatg atcgccatc aggatgatgc gatcaagtga tcaagccctg      420
tttgtcggtt ttagtgatta aggagtcatt tctgtccatc gtttatgccc cgcaagagat      480
ttaaggagat cacaaagtcg gttgtagcaa gagagttgga cactgtgata agccaatta      540
acttatgttg aagtgtcatt tattctttga aaaaaaaaaa aataaaaaaaaa aaaaaaaaaa      600

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagcggc cgc

643

<210> 14

<211> 657

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(657)

<223> LPAAT

<400> 14

atg ctg ata tta cag ccc ttc gta ctc tta ctc gac aag caa cgt aga	48
Met Leu Ile Leu Gln Pro Phe Val Leu Leu Leu Asp Lys Gln Arg Arg	
1 5 10 15	
aga gct cag cac ctt gtg aac aag gtg tgg gca att ttg aca acg tct	96
Arg Ala Gln His Leu Val Asn Lys Val Trp Ala Ile Leu Thr Thr Ser	
20 25 30	
ttg ttt tat aaa act gag att gaa ggt tgg gaa aat ctt cca gca tct	144
Leu Phe Tyr Lys Thr Glu Ile Glu Gly Trp Glu Asn Leu Pro Ala Ser	
35 40 45	
gat gag ggt gca gtg tat gtt gcc aat cat caa agc ttt ttg gac atc	192
Asp Glu Gly Ala Val Tyr Val Ala Asn His Gln Ser Phe Leu Asp Ile	
50 55 60	
tat aca ctc ttt caa tta gga cga cca ttt aag ttt att agc aag acc	240
Tyr Thr Leu Phe Gln Leu Gly Arg Pro Phe Lys Phe Ile Ser Lys Thr	
65 70 75 80	
agc aat ttt ctc att ccg att att ggt tgg tcc atg tac atg acg ggc	288
Ser Asn Phe Leu Ile Pro Ile Ile Gly Trp Ser Met Tyr Met Thr Gly	
85 90 95	
cac att ccc cta aag cgt atg gac aag agg agt caa ttg gaa tgc ctg	336
His Ile Pro Leu Lys Arg Met Asp Lys Arg Ser Gln Leu Glu Cys Leu	
100 105 110	
aag acc tgc atg aag ctg gtt aaa gaa ggt gtg tct gtt ctg ttt ttc	384
Lys Thr Cys Met Lys Leu Val Lys Glu Gly Val Ser Val Leu Phe Phe	
115 120 125	
cct gag ggc aca agg aca acg gat gga gca atg gct gcc ttc aag aaa	432
Pro Glu Gly Thr Arg Thr Thr Asp Gly Ala Met Ala Ala Phe Lys Lys	
130 135 140	
gga gct ttc tct gtg gcg gcc aag gga ggt gtg cca gtt gta cct ata	480
Gly Ala Phe Ser Val Ala Ala Lys Gly Gly Val Pro Val Val Pro Ile	
145 150 155 160	
acg tta att ggc tca ggc aag ttg atg cca aat ggt tta gaa tat aca	528
Thr Leu Ile Gly Ser Gly Lys Leu Met Pro Asn Gly Leu Glu Tyr Thr	
165 170 175	
tta cgg cct ggc gtt gtg aaa atg att gtc cac cca gct atc cgc agt	576
Leu Arg Pro Gly Val Val Lys Met Ile Val His Pro Ala Ile Arg Ser	
180 185 190	
aaa aat gcc gat gag ctt tgt gat cag tct agg aag gtt att gca gag	624
Lys Asn Ala Asp Glu Leu Cys Asp Gln Ser Arg Lys Val Ile Ala Glu	
195 200 205	

18

acc ttg atc caa cac ggt ctt cct gtt cat tag
 Thr Leu Ile Gln His Gly Leu Pro Val His
 210 215

657

<210> 15

<211> 218

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 15

Met Leu Ile Leu Gln Pro Phe Val Leu Leu Leu Asp Lys Gln Arg Arg
 1 5 10 15
 Arg Ala Gln His Leu Val Asn Lys Val Trp Ala Ile Leu Thr Thr Ser
 20 25 30
 Leu Phe Tyr Lys Thr Glu Ile Glu Gly Trp Glu Asn Leu Pro Ala Ser
 35 40 45
 Asp Glu Gly Ala Val Tyr Val Ala Asn His Gln Ser Phe Leu Asp Ile
 50 55 60
 Tyr Thr Leu Phe Gln Leu Gly Arg Pro Phe Lys Phe Ile Ser Lys Thr
 65 70 75 80
 Ser Asn Phe Leu Ile Pro Ile Ile Gly Trp Ser Met Tyr Met Thr Gly
 85 90 95
 His Ile Pro Leu Lys Arg Met Asp Lys Arg Ser Gln Leu Glu Cys Leu
 100 105 110
 Lys Thr Cys Met Lys Leu Val Lys Glu Gly Val Ser Val Leu Phe Phe
 115 120 125
 Pro Glu Gly Thr Arg Thr Thr Asp Gly Ala Met Ala Ala Phe Lys Lys
 130 135 140
 Gly Ala Phe Ser Val Ala Ala Lys Gly Gly Val Pro Val Val Pro Ile
 145 150 155 160
 Thr Leu Ile Gly Ser Gly Lys Leu Met Pro Asn Gly Leu Glu Tyr Thr
 165 170 175
 Leu Arg Pro Gly Val Val Lys Met Ile Val His Pro Ala Ile Arg Ser
 180 185 190
 Lys Asn Ala Asp Glu Leu Cys Asp Gln Ser Arg Lys Val Ile Ala Glu
 195 200 205
 Thr Leu Ile Gln His Gly Leu Pro Val His
 210 215

<210> 16

<211> 1254

<212> DNA

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1251)

<223> LPAAT

<400> 16

atg gat gaa tcc acc acg acc acc acg cac cac tca gag acc agc agc	48
Met Asp Glu Ser Thr Thr Thr Thr Thr His His Ser Glu Thr Ser Ser	
1 5 10 15	
aag acg tcc tcg cac ccc cgc cgg ctc ggt ccc gag atg aac cct atc	96
Lys Thr Ser Ser His Pro Arg Arg Leu Gly Pro Glu Met Asn Pro Ile	
20 25 30	
tac aag ggt ctg cga gcc att gtc tgg gcc ttt tac ttc aac ctg gga	144
Tyr Lys Gly Leu Arg Ala Ile Val Trp Ala Phe Tyr Phe Asn Leu Gly	
35 40 45	
gcg tcg ctt ata tcg atc acg cag gtg ctg tcg ctg cct ctg gcg ttg	192
Ala Ser Leu Ile Ser Ile Thr Gln Val Leu Ser Leu Pro Leu Ala Leu	
50 55 60	
att gct cca ggg gtc tac cag tgg cac atc agc aaa aca cag ggt cac	240
Ile Ala Pro Gly Val Tyr Gln Trp His Ile Ser Lys Thr Gln Gly His	
65 70 75 80	
ttt gga gct ttc ctg ctc cgg atg aac cag ctc ttt gcg ccg tca gat	288
Phe Gly Ala Phe Leu Leu Arg Met Asn Gln Leu Phe Ala Pro Ser Asp	
85 90 95	
att gtc ttg aca ggg gac gag agt gtc agg gga atc gtc aag gtc tac	336
Ile Val Leu Thr Gly Asp Glu Ser Val Arg Gly Ile Val Lys Val Tyr	
100 105 110	
aaa gga cgg aac ctg aag gag gcc ggt gag cca ggc agc ggt cag gga	384
Lys Gly Arg Asn Leu Lys Glu Ala Gly Glu Pro Gly Ser Gly Gln Gly	
115 120 125	
gag gac att ctt ctg gat atg ccc gag agg atg gtt ttc att gcg aac	432
Glu Asp Ile Leu Leu Asp Met Pro Glu Arg Met Val Phe Ile Ala Asn	
130 135 140	
cac cag atc tac tct gac tgg atg tac ctc tgg tgc ttc tcc tat ttt	480
His Gln Ile Tyr Ser Asp Trp Met Tyr Leu Trp Cys Phe Ser Tyr Phe	
145 150 155 160	
gca gag agg cac agg gca ctg aag att att ctt cgg ggc gac ctg acc	528
Ala Glu Arg His Arg Ala Leu Lys Ile Ile Leu Arg Gly Asp Leu Thr	
165 170 175	
tgg atc cct gtc ttt ggc tgg ggt atg cgg ttc ttt gac ttt atc ttt	576
Trp Ile Pro Val Phe Gly Trp Gly Met Arg Phe Phe Asp Phe Ile Phe	
180 185 190	
ttg aaa cgt aat gac tgg gca cac gat cgc cgt gcc att gag gaa aac	624
Leu Lys Arg Asn Asp Trp Ala His Asp Arg Arg Ala Ile Glu Glu Asn	
195 200 205	
ttg gga cgt gtc aag gaa aag gat ccc ctc tgg ctc gtg gtc ttc ccc	672
Leu Gly Arg Val Lys Glu Lys Asp Pro Leu Trp Leu Val Val Phe Pro	
210 215 220	
gag gga aca gtc gtc tcc aag gaa acg cgt ctc cga tcc gtt gcc ttt	720
Glu Gly Thr Val Val Ser Lys Glu Thr Arg Leu Arg Ser Val Ala Phe	
225 230 235 240	
tca aag aag gct agt ctg tcg gat cac cgc cat gtg ctg ctt cca agg	768
Ser Lys Lys Ala Ser Leu Ser Asp His Arg His Val Leu Leu Pro Arg	
245 250 255	
acc agc ggt ctg ttt gtg tgc atc aac aag ttg cgt gga tct gtc gac	816
Thr Ser Gly Leu Phe Val Cys Ile Asn Lys Leu Arg Gly Ser Val Asp	
260 265 270	
tac ttg tac gat gca acc gtt ggc tac tcg aat gtc gag tat ggc gag	864
Tyr Leu Tyr Asp Ala Thr Val Gly Tyr Ser Asn Val Glu Tyr Gly Glu	

20

275					280					285							
att	ccg	cag	gag	ctt	tac	ccg	tta	cca	gga	ctg	tat	atc	aac	aaa	gca	912	
Ile	Pro	Gln	Glu	Leu	Tyr	Pro	Leu	Pro	Gly	Leu	Tyr	Ile	Asn	Lys	Ala		
290					295					300							
cag	ccc	aag	gag	atc	aac	atg	cac	ctg	cgt	cga	ttt	gcg	atc	aag	gat	960	
Gln	Pro	Lys	Glu	Ile	Asn	Met	His	Leu	Arg	Phe	Ala	Ile	Lys	Asp			
305					310					315					320		
atc	ccc	acg	tca	gaa	ccc	gaa	ttt	gtg	gaa	tgg	gtc	cga	gct	cgg	tggt	1008	
Ile	Pro	Thr	Ser	Glu	Pro	Glu	Phe	Val	Glu	Trp	Val	Arg	Ala	Arg	Trp		
325					330					335							
gtg	gag	aag	gat	gag	ttg	atg	gaa	gag	ttt	tat	acc	aag	ggc	cga	ttt	1056	
Val	Glu	Lys	Asp	Glu	Leu	Met	Glu	Glu	Phe	Tyr	Thr	Lys	Gly	Arg	Phe		
340					345					350							
cca	tca	caa	ctg	acg	gcc	gcc	gac	att	ggg	gag	aag	gag	gtc	aag	acg	1104	
Pro	Ser	Gln	Leu	Thr	Ala	Ala	Asp	Ile	Gly	Glu	Lys	Glu	Val	Lys	Thr		
355					360					365							
gca	gga	ggg	cca	acg	gag	gga	cag	agt	gtc	agg	atc	ccg	ctc	aag	gcg	1152	
Ala	Gly	Gly	Pro	Thr	Glu	Gly	Gln	Ser	Val	Arg	Ile	Pro	Leu	Lys	Ala		
370					375					380							
cga	ggc	atg	atg	gac	tac	ctc	atg	ccc	tcg	gtc	atg	aat	ctg	atc	gcc	1200	
Arg	Gly	Met	Met	Asp	Tyr	Leu	Met	Pro	Ser	Val	Met	Asn	Leu	Ile	Ala		
385					390					395					400		
ctt	cct	gtg	ctg	gcg	ttt	gcg	atg	aga	tat	gca	gtg	cag	caa	gca	tcg	1248	
Leu	Pro	Val	Leu	Ala	Phe	Ala	Met	Arg	Tyr	Ala	Val	Gln	Gln	Ala	Ser		
405					410					415							
ggc tga																	
Gly															1254		

<210> 17

<211> 417

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 17

Met	Asp	Glu	Ser	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	His	His	Ser	Glu	Thr	Ser	Ser
1				5					10					15	
Lys	Thr	Ser	Ser	His	Pro	Arg	Arg	Leu	Gly	Pro	Glu	Met	Asn	Pro	Ile
			20					25					30		
Tyr	Lys	Gly	Leu	Arg	Ala	Ile	Val	Trp	Ala	Phe	Tyr	Phe	Asn	Leu	Gly
		35					40					45			
Ala	Ser	Leu	Ile	Ser	Ile	Thr	Gln	Val	Leu	Ser	Leu	Pro	Leu	Ala	Leu
		50				55					60				
Ile	Ala	Pro	Gly	Val	Tyr	Gln	Trp	His	Ile	Ser	Lys	Thr	Gln	Gly	His
65					70					75					80
Phe	Gly	Ala	Phe	Leu	Leu	Arg	Met	Asn	Gln	Leu	Phe	Ala	Pro	Ser	Asp
				85					90					95	
Ile	Val	Leu	Thr	Gly	Asp	Glu	Ser	Val	Arg	Gly	Ile	Val	Lys	Val	Tyr
			100					105					110		
Lys	Gly	Arg	Asn	Leu	Lys	Glu	Ala	Gly	Glu	Pro	Gly	Ser	Gly	Gln	Gly
		115					120					125			
Glu	Asp	Ile	Leu	Leu	Asp	Met	Pro	Glu	Arg	Met	Val	Phe	Ile	Ala	Asn

21

130 135 140
 His Gln Ile Tyr Ser Asp Trp Met Tyr Leu Trp Cys Phe Ser Tyr Phe
 145 150 155 160
 Ala Glu Arg His Arg Ala Leu Lys Ile Ile Leu Arg Gly Asp Leu Thr
 165 170 175
 Trp Ile Pro Val Phe Gly Trp Gly Met Arg Phe Phe Asp Phe Ile Phe
 180 185 190
 Leu Lys Arg Asn Asp Trp Ala His Asp Arg Arg Ala Ile Glu Glu Asn
 195 200 205
 Leu Gly Arg Val Lys Glu Lys Asp Pro Leu Trp Leu Val Val Phe Pro
 210 215 220
 Glu Gly Thr Val Val Ser Lys Glu Thr Arg Leu Arg Ser Val Ala Phe
 225 230 235 240
 Ser Lys Lys Ala Ser Leu Ser Asp His Arg His Val Leu Leu Pro Arg
 245 250 255
 Thr Ser Gly Leu Phe Val Cys Ile Asn Lys Leu Arg Gly Ser Val Asp
 260 265 270
 Tyr Leu Tyr Asp Ala Thr Val Gly Tyr Ser Asn Val Glu Tyr Gly Glu
 275 280 285
 Ile Pro Gln Glu Leu Tyr Pro Leu Pro Gly Leu Tyr Ile Asn Lys Ala
 290 295 300
 Gln Pro Lys Glu Ile Asn Met His Leu Arg Arg Phe Ala Ile Lys Asp
 305 310 315 320
 Ile Pro Thr Ser Glu Pro Glu Phe Val Glu Trp Val Arg Ala Arg Trp
 325 330 335
 Val Glu Lys Asp Glu Leu Met Glu Glu Phe Tyr Thr Lys Gly Arg Phe
 340 345 350
 Pro Ser Gln Leu Thr Ala Ala Asp Ile Gly Glu Lys Glu Val Lys Thr
 355 360 365
 Ala Gly Gly Pro Thr Glu Gly Gln Ser Val Arg Ile Pro Leu Lys Ala
 370 375 380
 Arg Gly Met Met Asp Tyr Leu Met Pro Ser Val Met Asn Leu Ile Ala
 385 390 395 400
 Leu Pro Val Leu Ala Phe Ala Met Arg Tyr Ala Val Gln Gln Ala Ser
 405 410 415
 Gly

<210> 18

<211> 1170

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1167)

<223> LPAAT

<400> 18

atg aac cct atc tac aag ggt ctg cga gcc att gtc tgg gcc ttt tac 48
 Met Asn Pro Ile Tyr Lys Gly Leu Arg Ala Ile Val Trp Ala Phe Tyr
 1 5 10 15
 ttc aac ctg gga gcg tcg ctt ata tcg atc acg cag gtg ctg tcg ctg 96

22

Phe	Asn	Leu	Gly	Ala	Ser	Leu	Ile	Ser	Ile	Thr	Gln	Val	Leu	Ser	Leu		
			20					25					30				
cct	ctg	gcg	ttg	att	gct	cca	ggg	gtc	tac	cag	tgg	cac	atc	agc	aaa		144
Pro	Leu	Ala	Leu	Ile	Ala	Pro	Gly	Val	Tyr	Gln	Trp	His	Ile	Ser	Lys		
		35					40					45					
aca	cag	ggt	cac	ttt	gga	gct	ttc	ctg	ctc	cgg	atg	aac	cag	ctc	ttt		192
Thr	Gln	Gly	His	Phe	Gly	Ala	Phe	Leu	Leu	Arg	Met	Asn	Gln	Leu	Phe		
		50				55				60							
gcg	ccg	tca	gat	att	gtc	ttg	aca	ggg	gac	gag	agt	gtc	agg	gga	atc		240
Ala	Pro	Ser	Asp	Ile	Val	Leu	Thr	Gly	Asp	Glu	Ser	Val	Arg	Gly	Ile		
		65			70				75					80			
gtc	aag	gtc	tac	aaa	gga	cgg	aac	ctg	aag	gag	gcc	ggt	gag	cca	ggc		288
Val	Lys	Val	Tyr	Lys	Gly	Arg	Asn	Leu	Lys	Glu	Ala	Gly	Glu	Pro	Gly		
				85				90					95				
agc	ggt	cag	gga	gag	gac	att	ctt	ctg	gat	atg	ccc	gag	agg	atg	gtt		336
Ser	Gly	Gln	Gly	Glu	Asp	Ile	Leu	Leu	Asp	Met	Pro	Glu	Arg	Met	Val		
			100					105					110				
ttc	att	gcg	aac	cac	cag	atc	tac	tct	gac	tgg	atg	tac	ctc	tgg	tgc		384
Phe	Ile	Ala	Asn	His	Gln	Ile	Tyr	Ser	Asp	Trp	Met	Tyr	Leu	Trp	Cys		
		115				120						125					
ttc	tcc	tat	ttt	gca	gag	agg	cac	agg	gca	ctg	aag	att	att	ctt	cgg		432
Phe	Ser	Tyr	Phe	Ala	Glu	Arg	His	Arg	Ala	Leu	Lys	Ile	Ile	Leu	Arg		
		130				135					140						
ggc	gac	ctg	acc	tgg	atc	cct	gtc	ttt	ggc	tgg	ggt	atg	cgg	ttc	ttt		480
Gly	Asp	Leu	Thr	Trp	Ile	Pro	Val	Phe	Gly	Trp	Gly	Met	Arg	Phe	Phe		
		145			150				155				160				
gac	ttt	atc	ttt	ttg	aaa	cgt	aat	gac	tgg	gca	cac	gat	cgc	cgt	gcc		528
Asp	Phe	Ile	Phe	Leu	Lys	Arg	Asn	Asp	Trp	Ala	His	Asp	Arg	Arg	Ala		
				165				170				175					
att	gag	gaa	aac	ttg	gga	cgt	gtc	aag	gaa	aag	gat	ccc	ctc	tgg	ctc		576
Ile	Glu	Glu	Asn	Leu	Gly	Arg	Val	Lys	Glu	Lys	Asp	Pro	Leu	Trp	Leu		
			180				185					190					
gtg	gtc	ttc	ccc	gag	gga	aca	gtc	gtc	tcc	aag	gaa	acg	cgt	ctc	cga		624
Val	Val	Phe	Pro	Glu	Gly	Thr	Val	Val	Ser	Lys	Glu	Thr	Arg	Leu	Arg		
		195				200						205					
tcc	ggt	gcc	ttt	tca	aag	aag	gct	agt	ctg	tcg	gat	cac	cgc	cat	gtg		672
Ser	Val	Ala	Phe	Ser	Lys	Lys	Ala	Ser	Leu	Ser	Asp	His	Arg	His	Val		
		210				215					220						
ctg	ctt	cca	agg	acc	agc	ggt	ctg	ttt	gtg	tgc	atc	aac	aag	ttg	cgt		720
Leu	Leu	Pro	Arg	Thr	Ser	Gly	Leu	Phe	Val	Cys	Ile	Asn	Lys	Leu	Arg		
		225			230				235				240				
gga	tct	gtc	gac	tac	ttg	tac	gat	gca	acc	gtt	ggc	tac	tcg	aat	gtc		768
Gly	Ser	Val	Asp	Tyr	Leu	Tyr	Asp	Ala	Thr	Val	Gly	Tyr	Ser	Asn	Val		
			245				250					255					
gag	tat	ggc	gag	att	ccg	cag	gag	ctt	tac	ccg	tta	cca	gga	ctg	tat		816
Glu	Tyr	Gly	Glu	Ile	Pro	Gln	Glu	Leu	Tyr	Pro	Leu	Pro	Gly	Leu	Tyr		
		260				265						270					
atc	aac	aaa	gca	cag	ccc	aag	gag	atc	aac	atg	cac	ctg	cgt	cga	ttt		864
Ile	Asn	Lys	Ala	Gln	Pro	Lys	Glu	Ile	Asn	Met	His	Leu	Arg	Arg	Phe		
		275				280					285						
gcg	atc	aag	gat	atc	ccc	acg	tca	gaa	ccc	gaa	ttt	gtg	gaa	tgg	gtc		912
Ala	Ile	Lys	Asp	Ile	Pro	Thr	Ser	Glu	Pro	Glu	Phe	Val	Glu	Trp	Val		
		290				295				300							
cga	gct	cgg	tgg	gtg	gag	aag	gat	gag	ttg	atg	gaa	gag	ttt	tat	acc		960

23

Arg Ala Arg Trp Val Glu Lys Asp Glu Leu Met Glu Glu Phe Tyr Thr
 305 310 315 320
 aag ggc cga ttt cca tca caa ctg acg gcc gcc gac att ggt gag aag 1008
 Lys Gly Arg Phe Pro Ser Gln Leu Thr Ala Ala Asp Ile Gly Glu Lys
 325 330 335
 gag gtc aag acg gca gga ggt cca acg gag gga cag agt gtc agg atc 1056
 Glu Val Lys Thr Ala Gly Gly Pro Thr Glu Gly Gln Ser Val Arg Ile
 340 345 350
 ccg ctc aag gcg cga ggc atg atg gac tac ctc atg ccc tcg gtc atg 1104
 Pro Leu Lys Ala Arg Gly Met Met Asp Tyr Leu Met Pro Ser Val Met
 355 360 365
 aat ctg atc gcc ctt cct gtg ctg gcg ttt gcg atg aga tat gca gtg 1152
 Asn Leu Ile Ala Leu Pro Val Leu Ala Phe Ala Met Arg Tyr Ala Val
 370 375 380
 cag caa gca tcg ggc tga
 Gln Gln Ala Ser Gly 1170
 385

<210> 19

<211> 389

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 19

Met Asn Pro Ile Tyr Lys Gly Leu Arg Ala Ile Val Trp Ala Phe Tyr
 1 5 10 15
 Phe Asn Leu Gly Ala Ser Leu Ile Ser Ile Thr Gln Val Leu Ser Leu
 20 25 30
 Pro Leu Ala Leu Ile Ala Pro Gly Val Tyr Gln Trp His Ile Ser Lys
 35 40 45
 Thr Gln Gly His Phe Gly Ala Phe Leu Leu Arg Met Asn Gln Leu Phe
 50 55 60
 Ala Pro Ser Asp Ile Val Leu Thr Gly Asp Glu Ser Val Arg Gly Ile
 65 70 75 80
 Val Lys Val Tyr Lys Gly Arg Asn Leu Lys Glu Ala Gly Glu Pro Gly
 85 90 95
 Ser Gly Gln Gly Glu Asp Ile Leu Leu Asp Met Pro Glu Arg Met Val
 100 105 110
 Phe Ile Ala Asn His Gln Ile Tyr Ser Asp Trp Met Tyr Leu Trp Cys
 115 120 125
 Phe Ser Tyr Phe Ala Glu Arg His Arg Ala Leu Lys Ile Ile Leu Arg
 130 135 140
 Gly Asp Leu Thr Trp Ile Pro Val Phe Gly Trp Gly Met Arg Phe Phe
 145 150 155 160
 Asp Phe Ile Phe Leu Lys Arg Asn Asp Trp Ala His Asp Arg Arg Ala
 165 170 175
 Ile Glu Glu Asn Leu Gly Arg Val Lys Glu Lys Asp Pro Leu Trp Leu
 180 185 190
 Val Val Phe Pro Glu Gly Thr Val Val Ser Lys Glu Thr Arg Leu Arg
 195 200 205
 Ser Val Ala Phe Ser Lys Lys Ala Ser Leu Ser Asp His Arg His Val
 210 215 220

24

Leu Leu Pro Arg Thr Ser Gly Leu Phe Val Cys Ile Asn Lys Leu Arg
 225 230 235 240
 Gly Ser Val Asp Tyr Leu Tyr Asp Ala Thr Val Gly Tyr Ser Asn Val
 245 250 255
 Glu Tyr Gly Glu Ile Pro Gln Glu Leu Tyr Pro Leu Pro Gly Leu Tyr
 260 265 270
 Ile Asn Lys Ala Gln Pro Lys Glu Ile Asn Met His Leu Arg Arg Phe
 275 280 285
 Ala Ile Lys Asp Ile Pro Thr Ser Glu Pro Glu Phe Val Glu Trp Val
 290 295 300
 Arg Ala Arg Trp Val Glu Lys Asp Glu Leu Met Glu Glu Phe Tyr Thr
 305 310 315 320
 Lys Gly Arg Phe Pro Ser Gln Leu Thr Ala Ala Asp Ile Gly Glu Lys
 325 330 335
 Glu Val Lys Thr Ala Gly Gly Pro Thr Glu Gly Gln Ser Val Arg Ile
 340 345 350
 Pro Leu Lys Ala Arg Gly Met Met Asp Tyr Leu Met Pro Ser Val Met
 355 360 365
 Asn Leu Ile Ala Leu Pro Val Leu Ala Phe Ala Met Arg Tyr Ala Val
 370 375 380
 Gln Gln Ala Ser Gly
 385

<210> 20

<211> 687

<212> DNA

<213> *Shewanella hanedai*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(684)

<223> LPAAT

<400> 20

atg tta ctg cta gca ttt gtt ttt ggt ggt ctt gtt tgt tta tta aga 48
 Met Leu Leu Leu Ala Phe Val Phe Gly Gly Leu Val Cys Leu Leu Arg
 1 5 10 15
 ccg aga cat cgt gac aat gta cac atg ttc gct aaa att ttc tcc tat 96
 Pro Arg His Arg Asp Asn Val His Met Phe Ala Lys Ile Phe Ser Tyr
 20 25 30
 gct gcg cca gta tta ggt atc aag gtc ata gta cgt aaa cct agc gta 144
 Ala Ala Pro Val Leu Gly Ile Lys Val Ile Val Arg Lys Pro Ser Val
 35 40 45
 gcg acg act gag cct tgt gtc ttt ttg gca aat cat cag aat aat ttc 192
 Ala Thr Thr Glu Pro Cys Val Phe Leu Ala Asn His Gln Asn Asn Phe
 50 55 60
 gat atg ttt acc cat act gcg gca gta ccg aaa ggg acg gtc agt ctt 240
 Asp Met Phe Thr His Thr Ala Ala Val Pro Lys Gly Thr Val Ser Leu
 65 70 75 80
 gga aag aag agt tta gct tgg gtg cct ttt ttt ggt cag att tac tgg 288
 Gly Lys Lys Ser Leu Ala Trp Val Pro Phe Phe Gly Gln Ile Tyr Trp
 85 90 95

25

ttg tcc ggt aat att cta att gac aga aaa aac cgc aat aga gcg ttt 336
 Leu Ser Gly Asn Ile Leu Ile Asp Arg Lys Asn Arg Asn Arg Ala Phe
 100 105 110
 gaa acc atg gcg caa acc gcc aaa aag att aaa gat aag tgc tta tct 384
 Glu Thr Met Ala Gln Thr Ala Lys Lys Ile Lys Asp Lys Cys Leu Ser
 115 120 125
 atc tgg ata ttt ccg gaa ggt acg cgc tct cgt ggc aag ggc tta ttg 432
 Ile Trp Ile Phe Pro Glu Gly Thr Arg Ser Arg Gly Lys Gly Leu Leu
 130 135 140
 cct ttt aaa tct ggt gca ttt cat act gca ata gat gcg gga gtg gct 480
 Pro Phe Lys Ser Gly Ala Phe His Thr Ala Ile Asp Ala Gly Val Ala
 145 150 155 160
 atg gta cct gtg ttg gca tca aat caa agc cat ata aaa ctt aat cgt 528
 Met Val Pro Val Leu Ala Ser Asn Gln Ser His Ile Lys Leu Asn Arg
 165 170 175
 tgg aat aat ggt gtg gtt att atc gag atg atg gat cca atc gaa act 576
 Trp Asn Asn Gly Val Val Ile Ile Glu Met Met Asp Pro Ile Glu Thr
 180 185 190
 aaa ggt ttg gct aag tct cag gta aag gag ttg tct aaa cgt atc cac 624
 Lys Gly Leu Ala Lys Ser Gln Val Lys Glu Leu Ser Lys Arg Ile His
 195 200 205
 gct atg atg tcg aat cgt tta act cag ttg gat caa gaa gct tca gcc 672
 Ala Met Met Ser Asn Arg Leu Thr Gln Leu Asp Gln Glu Ala Ser Ala
 210 215 220
 tta atg gca aag taa
 Leu Met Ala Lys 687
 225

<210> 21

<211> 228

<212> PRT

<213> Shewanella hanedai

<400> 21

Met Leu Leu Leu Ala Phe Val Phe Gly Gly Leu Val Cys Leu Leu Arg
 1 5 10 15
 Pro Arg His Arg Asp Asn Val His Met Phe Ala Lys Ile Phe Ser Tyr
 20 25 30
 Ala Ala Pro Val Leu Gly Ile Lys Val Ile Val Arg Lys Pro Ser Val
 35 40 45
 Ala Thr Thr Glu Pro Cys Val Phe Leu Ala Asn His Gln Asn Asn Phe
 50 55 60
 Asp Met Phe Thr His Thr Ala Ala Val Pro Lys Gly Thr Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Gly Lys Lys Ser Leu Ala Trp Val Pro Phe Phe Gly Gln Ile Tyr Trp
 85 90 95
 Leu Ser Gly Asn Ile Leu Ile Asp Arg Lys Asn Arg Asn Arg Ala Phe
 100 105 110
 Glu Thr Met Ala Gln Thr Ala Lys Lys Ile Lys Asp Lys Cys Leu Ser
 115 120 125
 Ile Trp Ile Phe Pro Glu Gly Thr Arg Ser Arg Gly Lys Gly Leu Leu
 130 135 140

26

Pro Phe Lys Ser Gly Ala Phe His Thr Ala Ile Asp Ala Gly Val Ala
 145 150 155 160
 Met Val Pro Val Leu Ala Ser Asn Gln Ser His Ile Lys Leu Asn Arg
 165 170 175
 Trp Asn Asn Gly Val Val Ile Ile Glu Met Met Asp Pro Ile Glu Thr
 180 185 190
 Lys Gly Leu Ala Lys Ser Gln Val Lys Glu Leu Ser Lys Arg Ile His
 195 200 205
 Ala Met Met Ser Asn Arg Leu Thr Gln Leu Asp Gln Glu Ala Ser Ala
 210 215 220
 Leu Met Ala Lys
 225

<210> 22

<211> 1352

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (39)..(1340)

<223> GPAT

<400> 22

ggccgcaagg taaccgcctt ctgccgcaag ccttgact atg ccg tcg ctg ttt cgg 56
 Met Pro Ser Leu Phe Arg
 1 5
 gcg aaa cgc aat ggc aga agg acg ccg ggg aat gcc gtg acc aat ttc 104
 Ala Lys Arg Asn Gly Arg Arg Thr Pro Gly Asn Ala Val Thr Asn Phe
 10 15 20
 ggg aaa tct gaa ttc cat cgt gaa att agt ggg agt acg cgg gcg acc 152
 Gly Lys Ser Glu Phe His Arg Glu Ile Ser Gly Ser Thr Arg Ala Thr
 25 30 35
 acg cag gtg gct gaa gcc acc aca gct ggt ctt agg gag acc att gag 200
 Thr Gln Val Ala Glu Ala Thr Thr Ala Gly Leu Arg Glu Thr Ile Glu
 40 45 50
 gac cgc gct att atc gac ggt cat tct cac agt ttt gaa gga att caa 248
 Asp Arg Ala Ile Ile Asp Gly His Ser His Ser Phe Glu Gly Ile Gln
 55 60 65 70
 tcg gaa gaa gag ttg atg cag gta att gaa aag gag gtg gaa tcc ggt 296
 Ser Glu Glu Glu Leu Met Gln Val Ile Glu Lys Glu Val Glu Ser Gly
 75 80 85
 cgg ctg ccg aag cgt gct ggc gcg gga atg gta gag ttg tat cgc aat 344
 Arg Leu Pro Lys Arg Ala Gly Ala Gly Met Val Glu Leu Tyr Arg Asn
 90 95 100
 tat cga gat gct gta gtg agc agt ggc gta gaa aat gcg atg gat att 392
 Tyr Arg Asp Ala Val Val Ser Ser Gly Val Glu Asn Ala Met Asp Ile
 105 110 115
 gtt gtg aaa gtc atg tca act gtg ttg gac cgg att ctt ctg cag ttc 440
 Val Val Lys Val Met Ser Thr Val Leu Asp Arg Ile Leu Leu Gln Phe
 120 125 130
 gag gag cca ttc aca ttt gga tcg cac cac aag aga atg gtg gag ccg 488

27

Glu	Glu	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Ser	His	His	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Pro		
135					140					145					150		
tat	gat	tac	tac	aca	ttt	ggt	cag	aac	tat	gtg	cgt	cct	ctc	cta	gat		536
Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Asn	Tyr	Val	Arg	Pro	Leu	Leu	Asp		
				155						160					165		
ttc	agg	aac	tct	tac	ctt	ggg	aac	tta	aag	atc	ttt	gac	cag	ata	gag		584
Phe	Arg	Asn	Ser	Tyr	Leu	Gly	Asn	Leu	Lys	Ile	Phe	Asp	Gln	Ile	Glu		
				170						175					180		
aag	aac	ctg	aaa	gag	ggg	cac	aac	gtc	att	ttt	cta	tcc	aat	cac	cag		632
Lys	Asn	Leu	Lys	Glu	Gly	His	Asn	Val	Ile	Phe	Leu	Ser	Asn	His	Gln		
				185						190					195		
act	gag	gca	gat	cct	gct	gtt	atg	gcg	ctg	ttg	ctt	gag	cac	tct	cac		680
Thr	Glu	Ala	Asp	Pro	Ala	Val	Met	Ala	Leu	Leu	Leu	Glu	His	Ser	His		
				200						205					210		
ccc	tat	ttg	gca	gag	aac	ttg	acc	tat	gtg	gct	gga	gac	agg	gtt	gtg		728
Pro	Tyr	Leu	Ala	Glu	Asn	Leu	Thr	Tyr	Val	Ala	Gly	Asp	Arg	Val	Val		
215					220						225				230		
ctg	gat	cca	ttc	tgc	aaa	cct	ttt	agt	atg	ggc	agg	aat	ctc	ttg	tgc		776
Leu	Asp	Pro	Phe	Cys	Lys	Pro	Phe	Ser	Met	Gly	Arg	Asn	Leu	Leu	Cys		
				235						240					245		
gtg	tat	tca	aaa	aag	cac	att	cac	gat	gta	ccg	gac	ctt	gct	gaa	atg		824
Val	Tyr	Ser	Lys	Lys	His	Ile	His	Asp	Val	Pro	Asp	Leu	Ala	Glu	Met		
				250						255					260		
aaa	atc	aaa	gct	aat	gcg	aag	act	ttg	aga	cag	atg	acg	atc	ctg	ctg		872
Lys	Ile	Lys	Ala	Asn	Ala	Lys	Thr	Leu	Arg	Gln	Met	Thr	Ile	Leu	Leu		
				265						270					275		
agg	cag	gga	ggt	caa	tta	tta	tgg	gta	gca	ccc	agt	ggt	gga	cgc	gat		920
Arg	Gln	Gly	Gly	Gln	Leu	Leu	Trp	Val	Ala	Pro	Ser	Gly	Gly	Arg	Asp		
				280						285					290		
cgc	cct	gat	cct	gag	acc	aac	gaa	tgg	gtt	cct	gca	cat	ttt	gac	tcg		968
Arg	Pro	Asp	Pro	Glu	Thr	Asn	Glu	Trp	Val	Pro	Ala	His	Phe	Asp	Ser		
295					300						305				310		
tct	gct	gtg	gag	aat	atg	aag	cga	cta	tct	gac	att	gtc	cga	gta	cct		1016
Ser	Ala	Val	Glu	Asn	Met	Lys	Arg	Leu	Ser	Asp	Ile	Val	Arg	Val	Pro		
				315						320					325		
gct	cat	tta	cat	gcc	cta	tca	tta	cta	tgt	ttt	gag	att	atg	cca	cct		1064
Ala	His	Leu	His	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Cys	Phe	Glu	Ile	Met	Pro	Pro		
				330						335					340		
cct	gtc	cag	gta	caa	aag	gag	cta	gga	gag	cga	aga	gca	gta	gga	ttt		1112
Pro	Val	Gln	Val	Gln	Lys	Glu	Leu	Gly	Glu	Arg	Arg	Ala	Val	Gly	Phe		
				345						350					355		
agc	gga	gtt	ggt	cta	gcc	gtt	tcc	gag	caa	cta	gat	tat	gat	tcc	att		1160
Ser	Gly	Val	Gly	Leu	Ala	Val	Ser	Glu	Gln	Leu	Asp	Tyr	Asp	Ser	Ile		
				360						365					370		
gcg	aag	tta	gtc	gac	gat	tcc	aaa	aat	gcg	aag	gat	gcc	ttt	tcg	gat		1208
Ala	Lys	Leu	Val	Asp	Ser	Lys	Asn	Ala	Lys	Asp	Ala	Phe	Ser	Asp			
375					380					385					390		
gcg	gca	tgg	agc	gaa	gtc	aat	gat	atg	tat	aac	gtg	tta	aaa	gaa	gca		1256
Ala	Ala	Trp	Ser	Glu	Val	Asn	Asp	Met	Tyr	Asn	Val	Leu	Lys	Glu	Ala		
				395						400					405		
att	tat	ggt	gac	caa	ggt	tgt	gct	gtt	agc	aca	gat	tcc	ttg	aga	ctg		1304
Ile	Tyr	Gly	Asp	Gln	Gly	Cys	Ala	Val	Ser	Thr	Asp	Ser	Leu	Arg	Leu		
				410						415					420		
gaa	cag	ccc	tgg	ttt	gat	gga	agc	agg	cga	act	gat	tgaaaaatagg	gc				1352

28

Glu Gln Pro Trp Phe Asp Gly Ser Arg Arg Thr Asp
 425 430

<210> 23

<211> 434

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 23

Met Pro Ser Leu Phe Arg Ala Lys Arg Asn Gly Arg Arg Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Asn Ala Val Thr Asn Phe Gly Lys Ser Glu Phe His Arg Glu Ile Ser
 20 25 30
 Gly Ser Thr Arg Ala Thr Thr Gln Val Ala Glu Ala Thr Thr Ala Gly
 35 40 45
 Leu Arg Glu Thr Ile Glu Asp Arg Ala Ile Ile Asp Gly His Ser His
 50 55 60
 Ser Phe Glu Gly Ile Gln Ser Glu Glu Glu Leu Met Gln Val Ile Glu
 65 70 75 80
 Lys Glu Val Glu Ser Gly Arg Leu Pro Lys Arg Ala Gly Ala Gly Met
 85 90 95
 Val Glu Leu Tyr Arg Asn Tyr Arg Asp Ala Val Val Ser Ser Gly Val
 100 105 110
 Glu Asn Ala Met Asp Ile Val Val Lys Val Met Ser Thr Val Leu Asp
 115 120 125
 Arg Ile Leu Leu Gln Phe Glu Glu Pro Phe Thr Phe Gly Ser His His
 130 135 140
 Lys Arg Met Val Glu Pro Tyr Asp Tyr Tyr Thr Phe Gly Gln Asn Tyr
 145 150 155 160
 Val Arg Pro Leu Leu Asp Phe Arg Asn Ser Tyr Leu Gly Asn Leu Lys
 165 170 175
 Ile Phe Asp Gln Ile Glu Lys Asn Leu Lys Glu Gly His Asn Val Ile
 180 185 190
 Phe Leu Ser Asn His Gln Thr Glu Ala Asp Pro Ala Val Met Ala Leu
 195 200 205
 Leu Leu Glu His Ser His Pro Tyr Leu Ala Glu Asn Leu Thr Tyr Val
 210 215 220
 Ala Gly Asp Arg Val Val Leu Asp Pro Phe Cys Lys Pro Phe Ser Met
 225 230 235 240
 Gly Arg Asn Leu Leu Cys Val Tyr Ser Lys Lys His Ile His Asp Val
 245 250 255
 Pro Asp Leu Ala Glu Met Lys Ile Lys Ala Asn Ala Lys Thr Leu Arg
 260 265 270
 Gln Met Thr Ile Leu Leu Arg Gln Gly Gly Gln Leu Leu Trp Val Ala
 275 280 285
 Pro Ser Gly Gly Arg Asp Arg Pro Asp Pro Glu Thr Asn Glu Trp Val
 290 295 300
 Pro Ala His Phe Asp Ser Ser Ala Val Glu Asn Met Lys Arg Leu Ser
 305 310 315 320
 Asp Ile Val Arg Val Pro Ala His Leu His Ala Leu Ser Leu Leu Cys
 325 330 335
 Phe Glu Ile Met Pro Pro Pro Val Gln Val Gln Lys Glu Leu Gly Glu

29

340 345 350
 Arg Arg Ala Val Gly Phe Ser Gly Val Gly Leu Ala Val Ser Glu Gln
 355 360 365
 Leu Asp Tyr Asp Ser Ile Ala Lys Leu Val Asp Asp Ser Lys Asn Ala
 370 375 380
 Lys Asp Ala Phe Ser Asp Ala Ala Trp Ser Glu Val Asn Asp Met Tyr
 385 390 395 400
 Asn Val Leu Lys Glu Ala Ile Tyr Gly Asp Gln Gly Cys Ala Val Ser
 405 410 415
 Thr Asp Ser Leu Arg Leu Glu Gln Pro Trp Phe Asp Gly Ser Arg Arg
 420 425 430
 Thr Asp

<210> 24

<211> 444

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(444)

<223> GPAT/LPAAT

<400> 24

atg atc cgg att ttc aga ggg caa cca tct gtg gtt cat gtg cac gtg 48
 Met Ile Arg Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ser Val Val His Val His Val
 1 5 10 15
 agg cgg gtc cct atg tct gat ctg cct gag gga gcc aac gcg att tct 96
 Arg Arg Val Pro Met Ser Asp Leu Pro Glu Gly Ala Asn Ala Ile Ser
 20 25 30
 aaa tgg tgt cac gat gcc ttt cac atc aag gac gat cgg ctg gag cag 144
 Lys Trp Cys His Asp Ala Phe His Ile Lys Asp Asp Arg Leu Glu Gln
 35 40 45
 cac gaa aaa gag aat acg ttt ggg gag gac ttg tat att cct att gaa 192
 His Glu Lys Glu Asn Thr Phe Gly Glu Asp Leu Tyr Ile Pro Ile Glu
 50 55 60
 cgg cca ctt aaa cct ctt att att gtg atc tcc tgg gcc atc act ttg 240
 Arg Pro Leu Lys Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu
 65 70 75 80
 ctg gct gca gca tgg tgg ttt cta aga cga gtt tta tcc act tgg aaa 288
 Leu Ala Ala Ala Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys
 85 90 95
 gga atc gcc tgg gtg gca gga gta ctc gtg gtc gtc atg ctg tgt gtc 336
 Gly Ile Ala Trp Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val
 100 105 110
 cag att tta gtg atg tcg tca caa tcg gaa aga agt tca gat cct gca 384
 Gln Ile Leu Val Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala
 115 120 125
 gct aag aag gcc aat caa aaa cag gcg gct tct gtt gct cac ctc ggc 432
 Ala Lys Lys Ala Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly
 130 135 140

aaa acg gac tga
Lys Thr Asp
145

444

<210> 25

<211> 147

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 25

Met Ile Arg Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ser Val Val His Val His Val
1 5 10 15
Arg Arg Val Pro Met Ser Asp Leu Pro Glu Gly Ala Asn Ala Ile Ser
20 25 30
Lys Trp Cys His Asp Ala Phe His Ile Lys Asp Asp Arg Leu Glu Gln
35 40 45
His Glu Lys Glu Asn Thr Phe Gly Glu Asp Leu Tyr Ile Pro Ile Glu
50 55 60
Arg Pro Leu Lys Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu
65 70 75 80
Leu Ala Ala Ala Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys
85 90 95
Gly Ile Ala Trp Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val
100 105 110
Gln Ile Leu Val Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala
115 120 125
Ala Lys Lys Ala Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly
130 135 140
Lys Thr Asp
145

<210> 26

<211> 1710

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (246)..(1394)

<223> GPAT/LPAAT

<400> 26

gaattcgccc tttctctttt tcgtgctgct ccagccgata ttcattgacct gcccgggcag 60
gtcacattgc gtgttgcca tgccttggtt gcagctctcg tgacctcac gctcgcgagc 120
ggcaccgctc gtcttctgcc tcttgcttgc tcttgcttgc tttctgagga acagccccag 180
ctccggcacc agcataaggt cgtgtaggga gagagagaga gggggagaga agtaagcttg 240
gagtc atg gag ggc ggg ggc tcc ata atc gct ctt cct ctg ggg ctt atg 290
Met Glu Gly Gly Gly Ser Ile Ile Ala Leu Pro Leu Gly Leu Met
1 5 10 15
ttc ctc ttc tcc ggg ttc ttt atc aat atc ctg cag ctg ctg tct gtc 338

31

Phe	Leu	Phe	Ser	Gly	Phe	Phe	Ile	Asn	Ile	Leu	Gln	Leu	Leu	Ser	Val	
				20				25						30		
tta	ttc	att	ttg	ccg	ttt	tcg	agg	agg	gcg	tac	cga	gta	gtg	aat	atg	386
Leu	Phe	Ile	Leu	Pro	Phe	Ser	Arg	Arg	Ala	Tyr	Arg	Val	Val	Asn	Met	
			35				40					45				
att	atg	atg	gag	gtg	ctg	tgg	tcg	gag	ctt	ata	tgg	ctg	ctg	gat	tgg	434
Ile	Met	Met	Glu	Val	Leu	Trp	Ser	Glu	Leu	Ile	Trp	Leu	Leu	Asp	Trp	
		50				55					60					
tgg	gcg	aat	gtg	aag	gtg	aag	ggt	tac	acg	cca	aag	gag	tcg	tgg	gag	482
Trp	Ala	Asn	Val	Lys	Val	Lys	Val	Tyr	Thr	Pro	Lys	Glu	Ser	Trp	Glu	
	65				70				75							
cac	tta	gga	aag	gag	cac	gca	tta	ctc	att	tgt	aat	cac	cgc	agt	gac	530
His	Leu	Gly	Lys	Glu	His	Ala	Leu	Leu	Ile	Cys	Asn	His	Arg	Ser	Asp	
80				85					90					95		
ata	gat	tgg	ctc	gta	gga	tgg	att	att	gcc	cag	aga	ttg	ggg	tgt	cta	578
Ile	Asp	Trp	Leu	Val	Gly	Trp	Ile	Ile	Ala	Gln	Arg	Leu	Gly	Cys	Leu	
			100						105				110			
ggt	ggg	act	cga	gct	ggt	atg	aag	aag	tcc	acc	aaa	ttt	ctt	ccg	gtc	626
Gly	Gly	Thr	Arg	Ala	Val	Met	Lys	Lys	Ser	Thr	Lys	Phe	Leu	Pro	Val	
		115					120					125				
att	ggc	tgg	tct	atg	tgg	ttt	tca	gag	tat	gtg	ttt	tta	tca	aga	gat	674
Ile	Gly	Trp	Ser	Met	Trp	Phe	Ser	Glu	Tyr	Val	Phe	Leu	Ser	Arg	Asp	
		130				135				140						
tgg	gcc	aaa	gat	gag	aag	gtc	ttg	aag	aat	ggt	tat	tca	agt	ctt	aag	722
Trp	Ala	Lys	Asp	Glu	Lys	Val	Leu	Lys	Asn	Gly	Tyr	Ser	Ser	Leu	Lys	
	145				150				155							
ggc	ttc	ccc	agg	acc	ttg	tgg	gtg	gct	ctt	ttt	gtg	gaa	ggc	act	cga	770
Gly	Phe	Pro	Arg	Thr	Leu	Trp	Val	Ala	Leu	Phe	Val	Glu	Gly	Thr	Arg	
160				165					170					175		
ttt	acg	aag	gcc	aaa	ctt	gag	gct	gcc	caa	aaa	ttt	gca	gcg	gat	aca	818
Phe	Thr	Lys	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Ala	Gln	Lys	Phe	Ala	Ala	Asp	Thr	
			180						185					190		
ggg	cta	cgt	ggt	cca	agg	cat	gtg	ctt	ggt	cct	cgc	aca	aaa	ggg	ttc	866
Gly	Leu	Arg	Val	Pro	Arg	His	Val	Leu	Val	Pro	Arg	Thr	Lys	Gly	Phe	
		195					200						205			
ggt	tcg	gct	gtg	gag	aac	ttg	cgt	gaa	ttt	ggt	ccg	gta	ggt	tat	gac	914
Val	Ser	Ala	Val	Glu	Asn	Leu	Arg	Glu	Phe	Val	Pro	Val	Val	Tyr	Asp	
		210				215						220				
atg	acc	ggt	gct	ata	tct	aaa	gag	ctg	ccc	aat	cct	aca	atg	atc	cgg	962
Met	Thr	Val	Ala	Ile	Ser	Lys	Glu	Leu	Pro	Asn	Pro	Thr	Met	Ile	Arg	
		225				230				235						
att	ttc	aga	ggg	caa	cca	tct	gtg	ggt	cat	gtg	cac	gtg	aga	cgg	gtc	1010
Ile	Phe	Arg	Gly	Gln	Pro	Ser	Val	Val	His	Val	His	Val	Arg	Arg	Val	
			240		245				250					255		
cct	atg	tct	gat	ctg	cct	gag	gga	gcc	aac	gcg	att	tct	aaa	tgg	tgt	1058
Pro	Met	Ser	Asp	Leu	Pro	Glu	Gly	Ala	Asn	Ala	Ile	Ser	Lys	Trp	Cys	
			260				265						270			
cac	gat	gcc	ttt	cac	atc	aag	gac	gat	cgg	ctg	gag	cag	cac	gaa	aaa	1106
His	Asp	Ala	Phe	His	Ile	Lys	Asp	Asp	Arg	Leu	Glu	Gln	His	Glu	Lys	
			275				280					285				
gag	aat	acg	ttt	ggg	gag	gac	ttg	tat	att	cct	att	gaa	cgg	cca	ctt	1154
Glu	Asn	Thr	Phe	Gly	Glu	Asp	Leu	Tyr	Ile	Pro	Ile	Glu	Arg	Pro	Leu	
		290				295						300				
aaa	cct	ctt	att	att	gtg	atc	tcc	tgg	gcc	atc	act	ttg	ctg	gct	gca	1202

32

Lys Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu Leu Ala Ala
 305 310 315
 gca tgg tgg ttt cta aga cga gtt tta tcc act tgg aaa gga atc gcc 1250
 Ala Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys Gly Ile Ala
 320 325 330 335
 tgg gtg gca gga gta ctc gtg gtc gtc atg ctg tgt gtc cag att tta 1298
 Trp Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val Gln Ile Leu
 340 345 350
 gtg atg tcg tca caa tcg gaa aga agt tca gat cct gca gct aag aag 1346
 Val Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala Ala Lys Lys
 355 360 365
 gcc aat caa aaa cag gcg gct tct gtt gct cac ctc ggc aaa acg gac 1394
 Ala Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly Lys Thr Asp
 370 375 380
 tgagaacttt tgctttaacg caatccaaga cttaggcgtg ctagtctcag ttacaattag 1454
 cattcaggca ctccagatgt gtcaagaaat tttagttact ctagccaaga attgtttgac 1514
 acctttagt ccacctaatt tccttgaacg attaagagca gcggccatta gatgattcga 1574
 tttggtttct tgatagtatc tggtagcttc ttcttcaagc attgtgtatt ccgcttcagc 1634
 cattcctttt tttaagatgt attgcttctc gttcgagggt aggtcatttc tgatctaatt 1694
 ttgaaagcac taattc 1710

<210> 27

<211> 383

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 27

Met Glu Gly Gly Gly Ser Ile Ile Ala Leu Pro Leu Gly Leu Met Phe
 1 5 10 15
 Leu Phe Ser Gly Phe Phe Ile Asn Ile Leu Gln Leu Leu Ser Val Leu
 20 25 30
 Phe Ile Leu Pro Phe Ser Arg Arg Ala Tyr Arg Val Val Asn Met Ile
 35 40 45
 Met Met Glu Val Leu Trp Ser Glu Leu Ile Trp Leu Leu Asp Trp Trp
 50 55 60
 Ala Asn Val Lys Val Lys Val Tyr Thr Pro Lys Glu Ser Trp Glu His
 65 70 75 80
 Leu Gly Lys Glu His Ala Leu Leu Ile Cys Asn His Arg Ser Asp Ile
 85 90 95
 Asp Trp Leu Val Gly Trp Ile Ile Ala Gln Arg Leu Gly Cys Leu Gly
 100 105 110
 Gly Thr Arg Ala Val Met Lys Lys Ser Thr Lys Phe Leu Pro Val Ile
 115 120 125
 Gly Trp Ser Met Trp Phe Ser Glu Tyr Val Phe Leu Ser Arg Asp Trp
 130 135 140
 Ala Lys Asp Glu Lys Val Leu Lys Asn Gly Tyr Ser Ser Leu Lys Gly
 145 150 155 160
 Phe Pro Arg Thr Leu Trp Val Ala Leu Phe Val Glu Gly Thr Arg Phe
 165 170 175
 Thr Lys Ala Lys Leu Glu Ala Ala Gln Lys Phe Ala Ala Asp Thr Gly
 180 185 190
 Leu Arg Val Pro Arg His Val Leu Val Pro Arg Thr Lys Gly Phe Val

33

195 200 205
 Ser Ala Val Glu Asn Leu Arg Glu Phe Val Pro Val Val Tyr Asp Met
 210 215 220
 Thr Val Ala Ile Ser Lys Glu Leu Pro Asn Pro Thr Met Ile Arg Ile
 225 230 235 240
 Phe Arg Gly Gln Pro Ser Val Val His Val His Val Arg Arg Val Pro
 245 250 255
 Met Ser Asp Leu Pro Glu Gly Ala Asn Ala Ile Ser Lys Trp Cys His
 260 265 270
 Asp Ala Phe His Ile Lys Asp Asp Arg Leu Glu Gln His Glu Lys Glu
 275 280 285
 Asn Thr Phe Gly Glu Asp Leu Tyr Ile Pro Ile Glu Arg Pro Leu Lys
 290 295 300
 Pro Leu Ile Ile Val Ile Ser Trp Ala Ile Thr Leu Leu Ala Ala Ala
 305 310 315 320
 Trp Trp Phe Leu Arg Arg Val Leu Ser Thr Trp Lys Gly Ile Ala Trp
 325 330 335
 Val Ala Gly Val Leu Val Val Val Met Leu Cys Val Gln Ile Leu Val
 340 345 350
 Met Ser Ser Gln Ser Glu Arg Ser Ser Asp Pro Ala Ala Lys Lys Ala
 355 360 365
 Asn Gln Lys Gln Ala Ala Ser Val Ala His Leu Gly Lys Thr Asp
 370 375 380

<210> 28

<211> 628

<212> DNA

<213> *Cryptocodium cohnii*

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(578)

<223> DAGAT

<400> 28

tt gat gat tgg atc gcc gcg ttg gcg act gct tgt gca agc acg gat 47
 Asp Asp Trp Ile Ala Ala Leu Ala Thr Ala Cys Ala Ser Thr Asp
 1 5 10 15
 ggg gtt acg gac gtc gac agc ctg aag ccc tca gca agt gca gtt ccc 95
 Gly Val Thr Asp Val Asp Ser Leu Lys Pro Ser Ala Ser Ala Val Pro
 20 25 30
 cat gga ccc ccc aag gcg aag gtc agt gag cta tcg gcc ctg cgc aag 143
 His Gly Pro Pro Lys Ala Lys Val Ser Glu Leu Ser Ala Leu Arg Lys
 35 40 45
 gtg cac aat cga aac cgg acc agc gtt ttg acc aac gag gac gga ggc 191
 Val His Asn Arg Asn Arg Thr Ser Val Leu Thr Asn Glu Asp Gly Gly
 50 55 60
 att cct gag tgc aac gtt gtg ggg atc gtg aac ctc tgt gtt act gtg 239
 Ile Pro Glu Cys Asn Val Val Gly Ile Val Asn Leu Cys Val Thr Val
 65 70 75
 atg gtc ttg atc cac ctg cgc ctc att tat gag agc atc cgg aag cac 287
 Met Val Leu Ile His Leu Arg Leu Ile Tyr Glu Ser Ile Arg Lys His

34

80 85 90 95
 ggt gtt ttg ttg gac acc ttc cgg gtg gcg gcc cac acc gca ctc aag 335
 Gly Val Leu Leu Asp Thr Phe Arg Val Ala Ala His Thr Ala Leu Lys
 100 105 110
 cca ggt aac ttc cag tgt acg ctt tgt ttc ttc gct ttg ccg gtc ctg 383
 Pro Gly Asn Phe Gln Cys Thr Leu Cys Phe Phe Ala Leu Pro Val Leu
 115 120 125
 gcc atc ttg gcg acc ttc att gag gtc ttg gcg agc aag gga cag ttg 431
 Ala Ile Leu Ala Thr Phe Ile Glu Val Leu Ala Ser Lys Gly Gln Leu
 130 135 140
 ggg atc tcg ctt cgc gag cac cct gca tgc cgg gct ttg tac aat ctg 479
 Gly Ile Ser Leu Arg Glu His Pro Ala Cys Arg Ala Leu Tyr Asn Leu
 145 150 155
 cct tac cat ccc tgt cct ggt cat cca cca ctt tca ggc aac tcc tct 527
 Pro Tyr His Pro Cys Pro Gly His Pro Pro Leu Ser Gly Asn Ser Ser
 160 165 170 175
 cgt ggg agc ctc gtt gct gat tgc tgc gac cac tct ctt ctt gaa agt 575
 Arg Gly Ser Leu Val Ala Asp Cys Cys Asp His Ser Leu Leu Glu Ser
 180 185 190
 tgg tgagcttcgc ccacgtgaat tggctctcgg cgacagtgga aggcgatgga 628
 Trp

<210> 29

<211> 192

<212> PRT

<213> *Cryptocodinium cohnii*

<400> 29

Asp Asp Trp Ile Ala Ala Leu Ala Thr Ala Cys Ala Ser Thr Asp Gly
 1 5 10 15
 Val Thr Asp Val Asp Ser Leu Lys Pro Ser Ala Ser Ala Val Pro His
 20 25 30
 Gly Pro Pro Lys Ala Lys Val Ser Glu Leu Ser Ala Leu Arg Lys Val
 35 40 45
 His Asn Arg Asn Arg Thr Ser Val Leu Thr Asn Glu Asp Gly Gly Ile
 50 55 60
 Pro Glu Cys Asn Val Val Gly Ile Val Asn Leu Cys Val Thr Val Met
 65 70 75 80
 Val Leu Ile His Leu Arg Leu Ile Tyr Glu Ser Ile Arg Lys His Gly
 85 90 95
 Val Leu Leu Asp Thr Phe Arg Val Ala Ala His Thr Ala Leu Lys Pro
 100 105 110
 Gly Asn Phe Gln Cys Thr Leu Cys Phe Phe Ala Leu Pro Val Leu Ala
 115 120 125
 Ile Leu Ala Thr Phe Ile Glu Val Leu Ala Ser Lys Gly Gln Leu Gly
 130 135 140
 Ile Ser Leu Arg Glu His Pro Ala Cys Arg Ala Leu Tyr Asn Leu Pro
 145 150 155 160
 Tyr His Pro Cys Pro Gly His Pro Pro Leu Ser Gly Asn Ser Ser Arg
 165 170 175

35

Gly Ser Leu Val Ala Asp Cys Cys Asp His Ser Leu Leu Glu Ser Trp
 180 185 190

<210> 30

<211> 1272

<212> DNA

<213> Cryptocodinium cohnii

<220>

<221> CDS

<222> (164)..(1120)

<223> DAGAT

<400> 30

```

ggacactgac atggactgaa ggagtagaaa gccgtagcca ttttggctca agctccagtg      60
aacagtgcgc ccctgactgc agaggggtgc ggcacaaacc ctcagatata cacacatccc      120
gtgagtttat agattcttgt ctcgcgctct tcttggtgcaa gcg atg gct gga aag      175
                                     Met Ala Gly Lys
                                     1
tgg atg ctg ctc agt ggt ggt gca gca gct gca gcg ttg gcg ctt ctg      223
Trp Met Leu Leu Ser Gly Gly Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu
5          10          15          20
gag ggc acc cag ctt cga gcg tcg aca tcg gca cgc gcc cgg ata ttg      271
Glu Gly Thr Gln Leu Arg Ala Ser Thr Ser Ala Arg Ala Arg Ile Leu
          25          30          35
ctg gtt tcg ttg gca gca tat ctc cca acg tac ctc gat gga agc gag      319
Leu Val Ser Leu Ala Ala Tyr Leu Pro Thr Tyr Leu Asp Gly Ser Glu
          40          45          50
tac cgg gct gcc cct cga cga agc gag cga gcc tca cgg gtc ctg cgg      367
Tyr Arg Ala Ala Pro Arg Arg Ser Glu Arg Ala Ser Arg Val Leu Arg
          55          60          65
cag ttg tac aaa gtc atg gta aat tgg ttc ttc aca atc aaa cgg cca      415
Gln Leu Tyr Lys Val Met Val Asn Trp Phe Phe Thr Ile Lys Arg Pro
          70          75          80
gta atc gag gct tcc gaa gag ctg aca gct tgt gac cag tgc atc ttg      463
Val Ile Glu Ala Ser Glu Glu Leu Thr Ala Cys Asp Gln Cys Ile Leu
          85          90          95          100
gcg gtc cat ccc cat gga gta cct tct ctc gac cat ttg ctg acg gtc      511
Ala Val His Pro His Gly Val Pro Ser Leu Asp His Leu Leu Thr Val
          105          110          115
atc gcc tat gat cct gac ttg gaa cgg gtg ttg ccc cag ttg cgg aga      559
Ile Ala Tyr Asp Pro Asp Leu Glu Arg Val Leu Pro Gln Leu Arg Arg
          120          125          130
agt gcc ttg agt gca ggt gtc ctg ttc aag att ccc att ctg cgc gag      607
Ser Ala Leu Ser Ala Gly Val Leu Phe Lys Ile Pro Ile Leu Arg Glu
          135          140          145
gtc ctt ctg tgg act ggc tgt gtc gac gct ggc ggg aag acc gtg gac      655
Val Leu Leu Trp Thr Gly Cys Val Asp Ala Gly Gly Lys Thr Val Asp
          150          155          160
tct tgc ttg aag gct ggt ctc agc ctt tct gtt gtg ccc ggc ggc gaa      703
Ser Cys Leu Lys Ala Gly Leu Ser Leu Ser Val Val Pro Gly Gly Glu
          165          170          175          180

```

36

cgc gag caa ctt ctc gca cag cga ggg aac aag gaa atc ctc gtg ctg 751
 Arg Glu Gln Leu Leu Ala Gln Arg Gly Asn Lys Glu Ile Leu Val Leu
 185 190 195
 aaa cac agg aag ggc ttt gtc aag tac gcc ttg agg cat ggc att ccg 799
 Lys His Arg Lys Gly Phe Val Lys Tyr Ala Leu Arg His Gly Ile Pro
 200 205 210
 ttg gta cct gtg tat tgc ttc ggc gag aac caa ctt ttt tgg cag tcc 847
 Leu Val Pro Val Tyr Cys Phe Gly Glu Asn Gln Leu Phe Trp Gln Ser
 215 220 225
 tcc ttc ctc ttc aag gtt cgc agt tgg ctg cgg cgc act ctg gga gtg 895
 Ser Phe Leu Phe Lys Val Arg Ser Trp Leu Arg Arg Thr Leu Gly Val
 230 235 240
 gcg ctc gtg ttg ccc tac gga ggc tgc tgc aat ctg cct ggt gtg ccc 943
 Ala Leu Val Leu Pro Tyr Gly Gly Cys Cys Asn Leu Pro Gly Val Pro
 245 250 255 260
 ttc tcg gag ccg gtg cag ctc gtc gtc gga gct ccc ttg aag ctt ccg 991
 Phe Ser Glu Pro Val Gln Leu Val Val Gly Ala Pro Leu Lys Leu Pro
 265 270 275
 aag atc gaa gag ccg agc gga gtg gaa ata gcc aag tgg cac gct cgg 1039
 Lys Ile Glu Glu Pro Ser Gly Val Glu Ile Ala Lys Trp His Ala Arg
 280 285 290
 tac atg gag tgt ttg gaa gcc ttg ttc aag cgg cac cga gtt gaa gct 1087
 Tyr Met Glu Cys Leu Glu Ala Leu Phe Lys Arg His Arg Val Glu Ala
 295 300 305
 gga tat cct gaa ttg gaa ctc gag ttc atc tga aggtttcaag tttacatgtg 1140
 Gly Tyr Pro Glu Leu Glu Leu Glu Phe Ile
 310 315
 tctcacagtc ctccgctctg agccccactc attgtagtta ctcttctatg tgtgcaacgt 1200
 cgaccacagg agttaccgtc aaagacgggt gctccttgct gcttcgagag aaaaaaaaaa 1260
 aaaaaaaaaa aa 1272

<210> 31

<211> 318

<212> PRT

<213> Cryptocodinium cohnii

<400> 31

Met Ala Gly Lys Trp Met Leu Leu Ser Gly Gly Ala Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15
 Leu Ala Leu Leu Glu Gly Thr Gln Leu Arg Ala Ser Thr Ser Ala Arg
 20 25 30
 Ala Arg Ile Leu Leu Val Ser Leu Ala Ala Tyr Leu Pro Thr Tyr Leu
 35 40 45
 Asp Gly Ser Glu Tyr Arg Ala Ala Pro Arg Arg Ser Glu Arg Ala Ser
 50 55 60
 Arg Val Leu Arg Gln Leu Tyr Lys Val Met Val Asn Trp Phe Phe Thr
 65 70 75 80
 Ile Lys Arg Pro Val Ile Glu Ala Ser Glu Glu Leu Thr Ala Cys Asp
 85 90 95
 Gln Cys Ile Leu Ala Val His Pro His Gly Val Pro Ser Leu Asp His
 100 105 110
 Leu Leu Thr Val Ile Ala Tyr Asp Pro Asp Leu Glu Arg Val Leu Pro

37

115 120 125
 Gln Leu Arg Arg Ser Ala Leu Ser Ala Gly Val Leu Phe Lys Ile Pro
 130 135 140
 Ile Leu Arg Glu Val Leu Leu Trp Thr Gly Cys Val Asp Ala Gly Gly
 145 150 155 160
 Lys Thr Val Asp Ser Cys Leu Lys Ala Gly Leu Ser Leu Ser Val Val
 165 170 175
 Pro Gly Gly Glu Arg Glu Gln Leu Leu Ala Gln Arg Gly Asn Lys Glu
 180 185 190
 Ile Leu Val Leu Lys His Arg Lys Gly Phe Val Lys Tyr Ala Leu Arg
 195 200 205
 His Gly Ile Pro Leu Val Pro Val Tyr Cys Phe Gly Glu Asn Gln Leu
 210 215 220
 Phe Trp Gln Ser Ser Phe Leu Phe Lys Val Arg Ser Trp Leu Arg Arg
 225 230 235 240
 Thr Leu Gly Val Ala Leu Val Leu Pro Tyr Gly Gly Cys Cys Asn Leu
 245 250 255
 Pro Gly Val Pro Phe Ser Glu Pro Val Gln Leu Val Val Gly Ala Pro
 260 265 270
 Leu Lys Leu Pro Lys Ile Glu Glu Pro Ser Gly Val Glu Ile Ala Lys
 275 280 285
 Trp His Ala Arg Tyr Met Glu Cys Leu Glu Ala Leu Phe Lys Arg His
 290 295 300
 Arg Val Glu Ala Gly Tyr Pro Glu Leu Glu Leu Glu Phe Ile
 305 310 315

<210> 32

<211> 448

<212> DNA

<213> *Cryptocodinium cohnii*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(426)

<223> DAGAT

<400> 32

atc aag atg gtg ccg ttt ttg aag aac gtg ctg ggg ctc ttt ggg ctg 48
 Ile Lys Met Val Pro Phe Leu Lys Asn Val Leu Gly Leu Phe Gly Leu
 1 5 10 15
 atc gac gcg agc aag cag gtg ttg gtc aag cga ttg aag cgc cca ggt 96
 Ile Asp Ala Ser Lys Gln Val Leu Val Lys Arg Leu Lys Arg Pro Gly
 20 25 30
 ggt tcc ctg gtg att tac atc gga ggg atg gtg gag ctc ttc atg tcc 144
 Gly Ser Leu Val Ile Tyr Ile Gly Gly Met Val Glu Leu Phe Met Ser
 35 40 45
 agc ccc aag cag gaa gtc gtc ttc ttg aag aag agg aag ggt ttt atc 192
 Ser Pro Lys Gln Glu Val Val Phe Leu Lys Lys Arg Lys Gly Phe Ile
 50 55 60
 cga ctc gct ctg agc aca ggt gcc gat gtc gtg ccg atc tac ttg ttc 240
 Arg Leu Ala Leu Ser Thr Gly Ala Asp Val Val Pro Ile Tyr Leu Phe
 65 70 75 80
 ggc aac acc acc gtg ctc tca gtg ctg acc gct ggc cct ctg gcc tct 288

38

Gly	Asn	Thr	Thr	Val	Leu	Ser	Val	Leu	Thr	Ala	Gly	Pro	Leu	Ala	Ser		
				85					90					95			
ctg	agc	cgt	gcc	gcc	ggg	gtg	tca	gtg	acc	att	ttt	tgg	gga	cgc	ttc		336
Leu	Ser	Arg	Ala	Ala	Gly	Val	Ser	Val	Thr	Ile	Phe	Trp	Gly	Arg	Phe		
			100					105					110				
ggc	ttg	ccg	atg	ccc	tac	ccc	gtc	aag	ctc	acc	tat	gcc	cgt	ggc	cgt		384
Gly	Leu	Pro	Met	Pro	Tyr	Pro	Val	Lys	Leu	Thr	Tyr	Ala	Arg	Gly	Arg		
		115					120					125					
ccc	atc	ggt	ctc	cct	cat	atc	gaa	atc	cta	cag	atg	aga	cat				426
Pro	Ile	Gly	Leu	Pro	His	Ile	Glu	Ile	Leu	Gln	Met	Arg	His				
	130						135				140						
tgaccg	ttgg	catgac	gtgt	ac													448

<210> 33

<211> 142

<212> PRT

<213> Cryptocodinium cohnii

<400> 33

Ile	Lys	Met	Val	Pro	Phe	Leu	Lys	Asn	Val	Leu	Gly	Leu	Phe	Gly	Leu		
1				5					10					15			
Ile	Asp	Ala	Ser	Lys	Gln	Val	Leu	Val	Lys	Arg	Leu	Lys	Arg	Pro	Gly		
			20					25					30				
Gly	Ser	Leu	Val	Ile	Tyr	Ile	Gly	Gly	Met	Val	Glu	Leu	Phe	Met	Ser		
		35					40					45					
Ser	Pro	Lys	Gln	Glu	Val	Val	Phe	Leu	Lys	Lys	Arg	Lys	Gly	Phe	Ile		
		50				55					60						
Arg	Leu	Ala	Leu	Ser	Thr	Gly	Ala	Asp	Val	Val	Pro	Ile	Tyr	Leu	Phe		
65					70					75					80		
Gly	Asn	Thr	Thr	Val	Leu	Ser	Val	Leu	Thr	Ala	Gly	Pro	Leu	Ala	Ser		
				85					90					95			
Leu	Ser	Arg	Ala	Ala	Gly	Val	Ser	Val	Thr	Ile	Phe	Trp	Gly	Arg	Phe		
			100					105					110				
Gly	Leu	Pro	Met	Pro	Tyr	Pro	Val	Lys	Leu	Thr	Tyr	Ala	Arg	Gly	Arg		
		115					120					125					
Pro	Ile	Gly	Leu	Pro	His	Ile	Glu	Ile	Leu	Gln	Met	Arg	His				
	130						135				140						

<210> 34

<211> 1757

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1578)

<223> LCAT

<400> 34

ggcgcgccag aggacgagac aaggggggact tgtgagaatc ttcgagcttc aacctgtcaa 60

39

gcttcggtct ccacc atg tgt tca att tct tgt gga tcc act ccg cag caa	111
Met Cys Ser Ile Ser Cys Gly Ser Thr Pro Gln Gln	
1 5 10	
ctc tgt cat tac agg aag agc ggg gag ctg att aca aga aag agt cgc	159
Leu Cys His Tyr Arg Lys Ser Gly Glu Leu Ile Thr Arg Lys Ser Arg	
15 20 25	
gca gct att cgg tgg tgg agg tat ggc caa caa tgc aag gtg ctg ttg	207
Ala Ala Ile Arg Trp Trp Arg Tyr Gly Gln Gln Cys Lys Val Leu Leu	
30 35 40	
ccg ttg gat ttg att cga tca tgc tct caa ttc ttc atc gta gtt ctc	255
Pro Leu Asp Leu Ile Arg Ser Ser Ser Gln Phe Phe Ile Val Val Leu	
45 50 55 60	
act ctg acg ctc ttc ctg ttc acc acg tgt gga gct gtg cat act gcg	303
Thr Leu Thr Leu Phe Leu Phe Thr Thr Cys Gly Ala Val His Thr Ala	
65 70 75	
gca caa gac aga tca ttc gca aca ttg agc caa aga tca aga gcg tct	351
Ala Gln Asp Arg Ser Phe Ala Thr Leu Ser Gln Arg Ser Arg Ala Ser	
80 85 90	
ctc ttc agt gtg gga cgg gca caa gca agg aac aaa cac cat ttg gcg	399
Leu Phe Ser Val Gly Arg Ala Gln Ala Arg Asn Lys His His Leu Ala	
95 100 105	
ccg gtg gtc ata gtt cca ggc acc ggc ggg aat caa cta gag gcc agg	447
Pro Val Val Ile Val Pro Gly Thr Gly Gly Asn Gln Leu Glu Ala Arg	
110 115 120	
ttg aca gct gat tac gag gct aac aag cca tgg tgc tac agc ttc aga	495
Leu Thr Ala Asp Tyr Glu Ala Asn Lys Pro Trp Cys Tyr Ser Phe Arg	
125 130 135 140	
aaa gat tac ttc agg ttg tgg ctg gat gtg aaa aca ctg ttt cca cct	543
Lys Asp Tyr Phe Arg Leu Trp Leu Asp Val Lys Thr Leu Phe Pro Pro	
145 150 155	
ttc acg acg tgt ttc gcc gac cgc ctg agc ttg gac tac aac ccg cag	591
Phe Thr Thr Cys Phe Ala Asp Arg Leu Ser Leu Asp Tyr Asn Pro Gln	
160 165 170	
tcc gat gcc tat agc aac atc aag ggc gtg aag acg cgg gta ccg ttt	639
Ser Asp Ala Tyr Ser Asn Ile Lys Gly Val Lys Thr Arg Val Pro Phe	
175 180 185	
ttt ggt act acc gaa gga atg gag tac ctg gat ccc tca ctc aaa ttc	687
Phe Gly Thr Thr Glu Gly Met Glu Tyr Leu Asp Pro Ser Leu Lys Phe	
190 195 200	
ttg aca ggc tac atg ata cac ttg gtg aac gca tta aaa gct cat ggt	735
Leu Thr Gly Tyr Met Ile His Leu Val Asn Ala Leu Lys Ala His Gly	
205 210 215 220	
tac gag aac gga aag tca tta tac gga gct cca tac gac ttt cgg ttc	783
Tyr Glu Asn Gly Lys Ser Leu Tyr Gly Ala Pro Tyr Asp Phe Arg Phe	
225 230 235	
gca ccg ggg cca cat gca tcc aac gta gct cta gag tac ctg aaa gac	831
Ala Pro Gly Pro His Ala Ser Asn Val Ala Leu Glu Tyr Leu Lys Asp	
240 245 250	
ctg aaa gat ctc ata gaa acc gcg tac tca gta aat gcc aac gag ccg	879
Leu Lys Asp Leu Ile Glu Thr Ala Tyr Ser Val Asn Ala Asn Glu Pro	
255 260 265	
gtg gtc atc ctc gct cac agc atg ggc ggg ttg tgg act ctc ttc ttc	927
Val Val Ile Leu Ala His Ser Met Gly Gly Leu Trp Thr Leu Phe Phe	
270 275 280	

40

ctg aac cag caa tcc atg gag tgg agg aac aaa tac gtt tcc cgc ttt 975
 Leu Asn Gln Gln Ser Met Glu Trp Arg Asn Lys Tyr Val Ser Arg Phe
 285 290 295 300
 gtg tct gta gct acc ccg tgg gga ggg gcg gtc gaa cag atg atg acc 1023
 Val Ser Val Ala Thr Pro Trp Gly Gly Ala Val Glu Gln Met Met Thr
 305 310 315
 ttc gca tcc ggc aat ccg gag gga gtt ccc ttt gtg aac tcc ctg gtc 1071
 Phe Ala Ser Gly Asn Pro Glu Gly Val Pro Phe Val Asn Ser Leu Val
 320 325 330
 gtg cgc gaa gag cag cgg cgc tca gag tct aac ttg tgg ctg ctg cca 1119
 Val Arg Glu Glu Gln Arg Arg Ser Glu Ser Asn Leu Trp Leu Leu Pro
 335 340 345
 gtg cgg cgc tgc ttc aga gac cga cca ttg gta att acc tcg tcg cgc 1167
 Val Arg Arg Cys Phe Arg Asp Arg Pro Leu Val Ile Thr Ser Ser Arg
 350 355 360
 aac tac aca gct ggg gac atg gaa cag ttt ctg tgc gac atc ggt ttc 1215
 Asn Tyr Thr Ala Gly Asp Met Glu Gln Phe Leu Cys Asp Ile Gly Phe
 365 370 375 380
 cct gaa ggg gtc gcg cca tac aaa tcc cgg ata ccg cac cta acg gac 1263
 Pro Glu Gly Val Ala Pro Tyr Lys Ser Arg Ile Pro His Leu Thr Asp
 385 390 395
 att cta caa cct cct caa gtc ccc gtc acc cta att cac ggc tat ggc 1311
 Ile Leu Gln Pro Pro Gln Val Pro Val Thr Leu Ile His Gly Tyr Gly
 400 405 410
 gtg ccg acg gcg gag aca cta agc tac gag aag aag gga ttc gac aac 1359
 Val Pro Thr Ala Glu Thr Leu Ser Tyr Glu Lys Lys Gly Phe Asp Asn
 415 420 425
 cat ccc gaa atc aca gaa ggt gat ggc gac ggg acg gtg aat gtg tgc 1407
 His Pro Glu Ile Thr Glu Gly Asp Gly Asp Gly Thr Val Asn Val Cys
 430 435 440
 agc ttg acc gcg gtg gtt gag gaa tgg gag cga gtc gca ggt cag gag 1455
 Ser Leu Thr Ala Val Val Glu Glu Trp Glu Arg Val Ala Gly Gln Glu
 445 450 455 460
 ttg gaa atg att gcg ctg cat ggc aaa caa cat atg caa atc ttg cac 1503
 Leu Glu Met Ile Ala Leu His Gly Lys Gln His Met Gln Ile Leu His
 465 470 475
 gac gac cat tct gtg caa gtg atc gtg gac gcc att ctc aat gtt acc 1551
 Asp Asp His Ser Val Gln Val Ile Val Asp Ala Ile Leu Asn Val Thr
 480 485 490
 cca cag gaa cag ctt atg ttc cac taa gccctaatacg taaccctaaa 1598
 Pro Gln Glu Gln Leu Met Phe His
 495 500
 cctagctcca atcctcacag gatcaggcca cattctcctt gaaaaacagc ataagggtcga 1658
 ttctccgcag cctctcttcc attccacctc cccctttgta tctctctcca ttcaattgta 1718
 caattgtttt tttattcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1757

<210> 35

<211> 500

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 35

Met	Cys	Ser	Ile	Ser	Cys	Gly	Ser	Thr	Pro	Gln	Gln	Leu	Cys	His	Tyr
1				5					10					15	
Arg	Lys	Ser	Gly	Glu	Leu	Ile	Thr	Arg	Lys	Ser	Arg	Ala	Ala	Ile	Arg
			20					25					30		
Trp	Trp	Arg	Tyr	Gly	Gln	Gln	Cys	Lys	Val	Leu	Leu	Pro	Leu	Asp	Leu
		35					40					45			
Ile	Arg	Ser	Ser	Ser	Gln	Phe	Phe	Ile	Val	Val	Leu	Thr	Leu	Thr	Leu
	50					55					60				
Phe	Leu	Phe	Thr	Thr	Cys	Gly	Ala	Val	His	Thr	Ala	Ala	Gln	Asp	Arg
65					70				75						80
Ser	Phe	Ala	Thr	Leu	Ser	Gln	Arg	Ser	Arg	Ala	Ser	Leu	Phe	Ser	Val
				85					90					95	
Gly	Arg	Ala	Gln	Ala	Arg	Asn	Lys	His	His	Leu	Ala	Pro	Val	Val	Ile
			100					105					110		
Val	Pro	Gly	Thr	Gly	Gly	Asn	Gln	Leu	Glu	Ala	Arg	Leu	Thr	Ala	Asp
		115					120					125			
Tyr	Glu	Ala	Asn	Lys	Pro	Trp	Cys	Tyr	Ser	Phe	Arg	Lys	Asp	Tyr	Phe
	130					135					140				
Arg	Leu	Trp	Leu	Asp	Val	Lys	Thr	Leu	Phe	Pro	Pro	Phe	Thr	Thr	Cys
145					150				155						160
Phe	Ala	Asp	Arg	Leu	Ser	Leu	Asp	Tyr	Asn	Pro	Gln	Ser	Asp	Ala	Tyr
				165					170					175	
Ser	Asn	Ile	Lys	Gly	Val	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Phe	Phe	Gly	Thr	Thr
			180					185					190		
Glu	Gly	Met	Glu	Tyr	Leu	Asp	Pro	Ser	Leu	Lys	Phe	Leu	Thr	Gly	Tyr
		195					200					205			
Met	Ile	His	Leu	Val	Asn	Ala	Leu	Lys	Ala	His	Gly	Tyr	Glu	Asn	Gly
	210					215					220				
Lys	Ser	Leu	Tyr	Gly	Ala	Pro	Tyr	Asp	Phe	Arg	Phe	Ala	Pro	Gly	Pro
225					230				235						240
His	Ala	Ser	Asn	Val	Ala	Leu	Glu	Tyr	Leu	Lys	Asp	Leu	Lys	Asp	Leu
				245					250					255	
Ile	Glu	Thr	Ala	Tyr	Ser	Val	Asn	Ala	Asn	Glu	Pro	Val	Val	Ile	Leu
			260					265					270		
Ala	His	Ser	Met	Gly	Gly	Leu	Trp	Thr	Leu	Phe	Phe	Leu	Asn	Gln	Gln
			275				280					285			
Ser	Met	Glu	Trp	Arg	Asn	Lys	Tyr	Val	Ser	Arg	Phe	Val	Ser	Val	Ala
	290					295					300				
Thr	Pro	Trp	Gly	Gly	Ala	Val	Glu	Gln	Met	Met	Thr	Phe	Ala	Ser	Gly
305					310				315						320
Asn	Pro	Glu	Gly	Val	Pro	Phe	Val	Asn	Ser	Leu	Val	Val	Arg	Glu	Glu
				325					330					335	
Gln	Arg	Arg	Ser	Glu	Ser	Asn	Leu	Trp	Leu	Leu	Pro	Val	Arg	Arg	Cys
			340					345					350		
Phe	Arg	Asp	Arg	Pro	Le										

42

Thr Glu Gly Asp Gly Asp Gly Thr Val Asn Val Cys Ser Leu Thr Ala
 435 440 445
 Val Val Glu Glu Trp Glu Arg Val Ala Gly Gln Glu Leu Glu Met Ile
 450 455 460
 Ala Leu His Gly Lys Gln His Met Gln Ile Leu His Asp Asp His Ser
 465 470 475 480
 Val Gln Val Ile Val Asp Ala Ile Leu Asn Val Thr Pro Gln Glu Gln
 485 490 495
 Leu Met Phe His
 500

<210> 36

<211> 1893

<212> DNA

<213> *Fusarium gramineum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1893)

<223> LCAT

<400> 36

atg gga aag tcc act tta cga cgc cgg aat ggc caa gat gcg aca aat 48
 Met Gly Lys Ser Thr Leu Arg Arg Arg Asn Gly Gln Asp Ala Thr Asn
 1 5 10 15
 aac gat agc gcc gac gct gac gac act ccg aga gaa gaa agc cca acg 96
 Asn Asp Ser Ala Asp Ala Asp Asp Thr Pro Arg Glu Glu Ser Pro Thr
 20 25 30
 gct gag ccg acc aca cac gtt cga gtt gtt caa cac gcc gtg ccc aga 144
 Ala Glu Pro Thr Thr His Val Arg Val Val Gln His Ala Val Pro Arg
 35 40 45
 acc cga aaa cgc cgc aac acc ttc gtc ttc ttc ctt ggt agt ttg ttt 192
 Thr Arg Lys Arg Arg Asn Thr Phe Val Phe Phe Leu Gly Ser Leu Phe
 50 55 60
 gga att ata gcc gcc gga ttt ttc gct tcc agc aat gat ctt att gac 240
 Gly Ile Ile Ala Ala Gly Phe Phe Ala Ser Ser Asn Asp Leu Ile Asp
 65 70 75 80
 ctc ccc gag ttt acc gac ttg tcg atg gat aac ttg atg gat gtt ctg 288
 Leu Pro Glu Phe Thr Asp Leu Ser Met Asp Asn Leu Met Asp Val Leu
 85 90 95
 cct gcc ggc ttg ata aag gac atg cgc gac ctt gtt cag ggc gag cgg 336
 Pro Ala Gly Leu Ile Lys Asp Met Arg Asp Leu Val Gln Gly Glu Arg
 100 105 110
 gac att gcc gaa tcg tac gag cca ttc tct gtt ggc gaa aag gct cga 384
 Asp Ile Ala Glu Ser Tyr Glu Pro Phe Ser Val Gly Glu Lys Ala Arg
 115 120 125
 tcc gag ggt cta gga gtt cac cat cct atg atc atg ata cct ggt gtt 432
 Ser Glu Gly Leu Gly Val His His Pro Met Ile Met Ile Pro Gly Val
 130 135 140
 atc tca act gga ctc gaa tcg tgg ggt acg gct aat atc tcg aaa ccc 480
 Ile Ser Thr Gly Leu Glu Ser Trp Gly Thr Ala Asn Ile Ser Lys Pro
 145 150 155 160

43

tac ttt aga aaa cga ctt tgg ggt agt tgg aca atg atg aga gct ctg	528
Tyr Phe Arg Lys Arg Leu Trp Gly Ser Trp Thr Met Met Arg Ala Leu	
165 170 175	
gtt atg gac aag gag gtt tgg aag aag cac gtc atg ctc gac aag agg	576
Val Met Asp Lys Glu Val Trp Lys Lys His Val Met Leu Asp Lys Arg	
180 185 190	
acg ggc ctt gac ccg cct gac gta aag ttg agg gct gcc caa ggg ttc	624
Thr Gly Leu Asp Pro Pro Asp Val Lys Leu Arg Ala Ala Gln Gly Phe	
195 200 205	
gat gcg acc gat ttc ttc atc acg gga tat tgg atc tgg agc aaa atc	672
Asp Ala Thr Asp Phe Phe Ile Thr Gly Tyr Trp Ile Trp Ser Lys Ile	
210 215 220	
ttt gag aat ctc gca tcc atc ggc tac gac cca acg aac tcg ttc acg	720
Phe Glu Asn Leu Ala Ser Ile Gly Tyr Asp Pro Thr Asn Ser Phe Thr	
225 230 235 240	
gct gct tac gat tgg cgc ttg tcg tat ccc aac ctt gag gta cgg gac	768
Ala Ala Tyr Asp Trp Arg Leu Ser Tyr Pro Asn Leu Glu Val Arg Asp	
245 250 255	
cgc tac ttc act cgg cta aag tcg cat atc gaa atc gcg gtg gcc act	816
Arg Tyr Phe Thr Arg Leu Lys Ser His Ile Glu Ile Ala Val Ala Thr	
260 265 270	
gag gac aaa aaa gtc gtc ctc gca tca cac agt atg ggg agc caa gtc	864
Glu Asp Lys Lys Val Val Leu Ala Ser His Ser Met Gly Ser Gln Val	
275 280 285	
ctt tac tat ttt ctc cac tgg gtg cag tca gaa aga ggc gga cgc ggt	912
Leu Tyr Tyr Phe Leu His Trp Val Gln Ser Glu Arg Gly Gly Arg Gly	
290 295 300	
ggg ccg gat tgg gtt gag cgt cac att gac gcc tgg atc aac atc agc	960
Gly Pro Asp Trp Val Glu Arg His Ile Asp Ala Trp Ile Asn Ile Ser	
305 310 315 320	
gga tgc atg ctt gga gca gtc aag gat ttg acc gct gtg ctc tcc ggc	1008
Gly Cys Met Leu Gly Ala Val Lys Asp Leu Thr Ala Val Leu Ser Gly	
325 330 335	
gag atg cgc gac aca gct caa ctg aac ccg ttc gct att tac ggc ctg	1056
Glu Met Arg Asp Thr Ala Gln Leu Asn Pro Phe Ala Ile Tyr Gly Leu	
340 345 350	
gaa aag ttc ttg agt aaa gag gag aga gcc gag atc ttt cgc ggc atg	1104
Glu Lys Phe Leu Ser Lys Glu Glu Arg Ala Glu Ile Phe Arg Gly Met	
355 360 365	
ccc ggg ata tcc tcc atg ttg ccc atc ggc ggc aac tct gta tgg ggt	1152
Pro Gly Ile Ser Ser Met Leu Pro Ile Gly Gly Asn Ser Val Trp Gly	
370 375 380	
aac ttg acc tgg gct cca gac gac ttg cca ggc cag aac cgt tca tat	1200
Asn Leu Thr Trp Ala Pro Asp Asp Leu Pro Gly Gln Asn Arg Ser Tyr	
385 390 395 400	
gga tct ctc ttg aac ttt agg gtc ggt tcg aac tgg aca act cct gat	1248
Gly Ser Leu Leu Asn Phe Arg Val Gly Ser Asn Trp Thr Thr Pro Asp	
405 410 415	
cgt aac ttt acc gtc gag gaa ggt gtg tcc tat ttg ctt aac aca acg	1296
Arg Asn Phe Thr Val Glu Glu Gly Val Ser Tyr Leu Leu Asn Thr Thr	
420 425 430	
gag gac tgg tat caa gac cag atc aag ggc agt tat tct cgg ggc att	1344
Glu Asp Trp Tyr Gln Asp Gln Ile Lys Gly Ser Tyr Arg Gly Ile	
435 440 445	

44

gct cat tcc ata gat gag gtc gaa gcc aat gag aat gac ccc aag aag 1392
 Ala His Ser Ile Asp Glu Val Glu Ala Asn Glu Asn Asp Pro Lys Lys
 450 455 460
 tgg atc aat cct ctc gag acg cga ttg cca ctt gct cct agc ctc aag 1440
 Trp Ile Asn Pro Leu Glu Thr Arg Leu Pro Leu Ala Pro Ser Leu Lys
 465 470 475 480
 atc tac tgc ttt tat ggt gtt gga aaa ccg acc gag cga ggg tac ttc 1488
 Ile Tyr Cys Phe Tyr Gly Val Gly Lys Pro Thr Glu Arg Gly Tyr Phe
 485 490 495
 tat aag cca ccg gat cag cca tca ttg acc aac ctc aac atc aca ata 1536
 Tyr Lys Pro Pro Asp Gln Pro Ser Leu Thr Asn Leu Asn Ile Thr Ile
 500 505 510
 gat acg ggc tat acc gaa gga gac gtg gat cat ggc gtt gtc atg ggc 1584
 Asp Thr Gly Tyr Thr Glu Gly Asp Val Asp His Gly Val Val Met Gly
 515 520 525
 gag gga gat ggt acc gtg aac ctc ctc agt aca ggc tac atg tgt aat 1632
 Glu Gly Asp Gly Thr Val Asn Leu Leu Ser Thr Gly Tyr Met Cys Asn
 530 535 540
 cat ggc tgg aat atg aaa cgc tac aac cca gca ggc gtc aag gtt aca 1680
 His Gly Trp Asn Met Lys Arg Tyr Asn Pro Ala Gly Val Lys Val Thr
 545 550 555 560
 gtt gtc gag atg cct cac gag ccg gac cgc ttc aat cct cga gga ggg 1728
 Val Val Glu Met Pro His Glu Pro Asp Arg Phe Asn Pro Arg Gly Gly
 565 570 575
 cct cgc acg gcc gac cac gtt gac atc ttg ggg cga tac aac ctg aac 1776
 Pro Arg Thr Ala Asp His Val Asp Ile Leu Gly Arg Tyr Asn Leu Asn
 580 585 590
 gag ttg ctg tta cga gta gcg agc ggc aaa ggt gac acg att acg aac 1824
 Glu Leu Leu Leu Arg Val Ala Ser Gly Lys Gly Asp Thr Ile Thr Asn
 595 600 605
 tat gtt gtg agc aac atc aaa gaa tat gca tcc agg gtt aag att tac 1872
 Tyr Val Val Ser Asn Ile Lys Glu Tyr Ala Ser Arg Val Lys Ile Tyr
 610 615 620
 gat gat gag gag act tca tag 1893
 Asp Asp Glu Glu Thr Ser
 625 630

<210> 37

<211> 630

<212> PRT

<213> *Fusarium gramineum*

<400> 37

Met Gly Lys Ser Thr Leu Arg Arg Arg Asn Gly Gln Asp Ala Thr Asn
 1 5 10 15
 Asn Asp Ser Ala Asp Ala Asp Asp Thr Pro Arg Glu Glu Ser Pro Thr
 20 25 30
 Ala Glu Pro Thr Thr His Val Arg Val Val Gln His Ala Val Pro Arg
 35 40 45
 Thr Arg Lys Arg Arg Asn Thr Phe Val Phe Phe Leu Gly Ser Leu Phe
 50 55 60
 Gly Ile Ile Ala Ala Gly Phe Phe Ala Ser Ser Asn Asp Leu Ile Asp

45

65					70					75				80	
Leu	Pro	Glu	Phe	Thr	Asp	Leu	Ser	Met	Asp	Asn	Leu	Met	Asp	Val	Leu
				85					90					95	
Pro	Ala	Gly	Leu	Ile	Lys	Asp	Met	Arg	Asp	Leu	Val	Gln	Gly	Glu	Arg
			100					105					110		
Asp	Ile	Ala	Glu	Ser	Tyr	Glu	Pro	Phe	Ser	Val	Gly	Glu	Lys	Ala	Arg
		115					120					125			
Ser	Glu	Gly	Leu	Gly	Val	His	His	Pro	Met	Ile	Met	Ile	Pro	Gly	Val
		130				135					140				
Ile	Ser	Thr	Gly	Leu	Glu	Ser	Trp	Gly	Thr	Ala	Asn	Ile	Ser	Lys	Pro
145					150					155					160
Tyr	Phe	Arg	Lys	Arg	Leu	Trp	Gly	Ser	Trp	Thr	Met	Met	Arg	Ala	Leu
			165						170					175	
Val	Met	Asp	Lys	Glu	Val	Trp	Lys	Lys	His	Val	Met	Leu	Asp	Lys	Arg
			180						185				190		
Thr	Gly	Leu	Asp	Pro	Pro	Asp	Val	Lys	Leu	Arg	Ala	Ala	Gln	Gly	Phe
			195				200					205			
Asp	Ala	Thr	Asp	Phe	Phe	Ile	Thr	Gly	Tyr	Trp	Ile	Trp	Ser	Lys	Ile
		210				215					220				
Phe	Glu	Asn	Leu	Ala	Ser	Ile	Gly	Tyr	Asp	Pro	Thr	Asn	Ser	Phe	Thr
225					230					235					240
Ala	Ala	Tyr	Asp	Trp	Arg	Leu	Ser	Tyr	Pro	Asn	Leu	Glu	Val	Arg	Asp
			245						250					255	
Arg	Tyr	Phe	Thr	Arg	Leu	Lys	Ser	His	Ile	Glu	Ile	Ala	Val	Ala	Thr
			260					265					270		
Glu	Asp	Lys	Lys	Val	Val	Leu	Ala	Ser	His	Ser	Met	Gly	Ser	Gln	Val
		275				280						285			
Leu	Tyr	Tyr	Phe	Leu	His	Trp	Val	Gln	Ser	Glu	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly
		290				295				300					
Gly	Pro	Asp	Trp	Val	Glu	Arg	His	Ile	Asp	Ala	Trp	Ile	Asn	Ile	Ser
305					310					315					320
Gly	Cys	Met	Leu	Gly	Ala	Val	Lys	Asp	Leu	Thr	Ala	Val	Leu	Ser	Gly
			325						330					335	
Glu	Met	Arg	Asp	Thr	Ala	Gln	Leu	Asn	Pro	Phe	Ala	Ile	Tyr	Gly	Leu
			340					345					350		
Glu	Lys	Phe	Leu	Ser	Lys	Glu	Glu	Arg	Ala	Glu	Ile	Phe	Arg	Gly	Met
		355				360						365			
Pro	Gly	Ile	Ser	Ser	Met	Leu	Pro	Ile	Gly	Gly	Asn	Ser	Val	Trp	Gly
		370				375					380				
Asn	Leu	Thr	Trp	Ala	Pro	Asp	Asp	Leu	Pro	Gly	Gln	Asn	Arg	Ser	Tyr
385					390					395					400
Gly	Ser	Leu	Leu	Asn	Phe	Arg	Val	Gly	Ser	Asn	Trp	Thr	Thr	Pro	Asp
			405						410					415	
Arg	Asn	Phe	Thr	Val	Glu	Glu	Gly	Val	Ser	Tyr	Leu	Leu	Asn	Thr	Thr
			420					425					430		
Glu	Asp	Trp	Tyr	Gln	Asp	Gln	Ile	Lys	Gly	Ser	Tyr	Ser	Arg	Gly	Ile
		435				440						445			
Ala	His	Ser	Ile	Asp	Glu	Val	Glu	Ala	Asn	Glu	Asn	Asp	Pro	Lys	Lys
		450				455					460				
Trp	Ile	Asn	Pro	Leu	Glu	Thr	Arg	Leu	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Leu	Lys
465					470					475					480
Ile	Tyr	Cys	Phe	Tyr	Gly	Val	Gly	Lys	Pro	Thr	Glu	Arg	Gly	Tyr	Phe
			485						490					495	
Tyr	Lys	Pro	Pro	Asp	Gln	Pro	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	Asn	Ile	Thr	Ile

46

500 505 510
 Asp Thr Gly Tyr Thr Glu Gly Asp Val Asp His Gly Val Val Met Gly
 515 520 525
 Glu Gly Asp Gly Thr Val Asn Leu Leu Ser Thr Gly Tyr Met Cys Asn
 530 535 540
 His Gly Trp Asn Met Lys Arg Tyr Asn Pro Ala Gly Val Lys Val Thr
 545 550 555 560
 Val Val Glu Met Pro His Glu Pro Asp Arg Phe Asn Pro Arg Gly Gly
 565 570 575
 Pro Arg Thr Ala Asp His Val Asp Ile Leu Gly Arg Tyr Asn Leu Asn
 580 585 590
 Glu Leu Leu Leu Arg Val Ala Ser Gly Lys Gly Asp Thr Ile Thr Asn
 595 600 605
 Tyr Val Val Ser Asn Ile Lys Glu Tyr Ala Ser Arg Val Lys Ile Tyr
 610 615 620
 Asp Asp Glu Glu Thr Ser
 625 630

<210> 38

<211> 849

<212> DNA

<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(849)

<223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

<400> 38

atg gag aac ttc tgg tgc atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc	48
Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu	
1 5 10 15	
ttc att tta tat aac ata tgc aca gta tgc cac tac tat atg cgg att	96
Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile	
20 25 30	
tgc ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt	144
Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val	
35 40 45	
aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt	192
Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe	
50 55 60	
cac tgc ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc	240
His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val	
65 70 75 80	
tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt	288
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys	
85 90 95	
aat cat cag agt tct ctc gac att cta tgc atg gca tca atc tgg ccg	336
Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro	
100 105 110	
aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc	384
Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe	

47

```

      115              120              125
    ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat      432
    Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
      130              135              140
    aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg      480
    Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
      145              150              155              160
    aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat      528
    Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
      165              170              175
    cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca      576
    Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
      180              185              190
    gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg      624
    Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile cca gtt gta ttc tca gac tat cgg
      195              200              205
    gat ttc tac tca aag cca gcc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt      672
    Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
      210              215              220
    gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat      720
    Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
      225              230              235              240
    gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc      768
    Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
      245              250              255
    tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt      816
    Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
      260              265              270
    gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa
    Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu      849
      275              280

```

<210> 39

<211> 282

<212> PRT

<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 39

```

Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu
1          5          10          15
Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile
20          25          30
Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val
35          40          45
Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe
50          55          60
His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val
65          70          75          80
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys
85          90          95
Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro
100          105          110

```

48

Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe
 115 120 125
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
 130 135 140
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
 145 150 155 160
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
 165 170 175
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
 180 185 190
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg
 195 200 205
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
 210 215 220
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
 225 230 235 240
 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
 245 250 255
 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
 260 265 270
 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu
 275 280

<210> 40

<211> 849

<212> DNA

<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(849)

<223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

<400> 40

atg gag aac ttc tgg tcg atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc	48
Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu	
1 5 10 15	
ttc att tta tat aac ata tcg aca gta tgc cac tac tat atg cgg att	96
Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile	
20 25 30	
tcg ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt	144
Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val	
35 40 45	
aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt	192
Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe	
50 55 60	
cac tcg ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc	240
His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val	
65 70 75 80	
tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt	288
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys	
85 90 95	
aat cat cag agt tct ctc gac att cta tcg atg gca tca atc tgg ccg	336

49

Asn	His	Gln	Ser	Ser	Leu	Asp	Ile	Leu	Ser	Met	Ala	Ser	Ile	Trp	Pro	
			100					105					110			
aag	aat	tgt	ggt	gta	atg	atg	aaa	cga	att	ctt	gcc	tat	ggt	cca	ttc	384
Lys	Asn	Cys	Val	Val	Met	Met	Lys	Arg	Ile	Leu	Ala	Tyr	Val	Pro	Phe	
		115					120					125				
ttc	aat	ctc	gga	gcc	tac	ttt	tcc	aac	aca	atc	ttc	atc	gat	cga	tat	432
Phe	Asn	Leu	Gly	Ala	Tyr	Phe	Ser	Asn	Thr	Ile	Phe	Ile	Asp	Arg	Tyr	
		130				135					140					
aac	cgt	gaa	cgt	gcg	atg	gct	tca	ggt	gat	tat	tgt	gca	tct	gaa	atg	480
Asn	Arg	Glu	Arg	Ala	Met	Ala	Ser	Val	Asp	Tyr	Cys	Ala	Ser	Glu	Met	
145					150				155					160		
aag	aac	aga	aat	ctt	aaa	ctt	tgg	gta	tct	ccg	gaa	gga	aca	aga	aat	528
Lys	Asn	Arg	Asn	Leu	Lys	Leu	Trp	Val	Ser	Pro	Glu	Gly	Thr	Arg	Asn	
			165					170					175			
cgt	gaa	gga	ggg	ttc	att	cca	ttc	aag	aaa	gga	gca	ttc	aat	att	gca	576
Arg	Glu	Gly	Gly	Phe	Ile	Pro	Phe	Lys	Lys	Gly	Ala	Phe	Asn	Ile	Ala	
			180					185					190			
ggt	cgt	gcg	cag	att	ccc	att	att	cca	ggt	gta	ttc	tca	gac	tat	cgg	624
Val	Arg	Ala	Gln	Ile	Pro	Ile	Ile	Pro	Val	Val	Phe	Ser	Asp	Tyr	Arg	
			195				200					205				
gat	ttc	tac	tca	aag	cca	ggc	cga	tat	ttc	aag	aat	gat	gga	gaa	ggt	672
Asp	Phe	Tyr	Ser	Lys	Pro	Gly	Arg	Tyr	Phe	Lys	Asn	Asp	Gly	Glu	Val	
		210				215					220					
ggt	att	cga	ggt	ctg	gat	gcg	att	cca	aca	aaa	ggg	ctc	act	ctt	gat	720
Val	Ile	Arg	Val	Leu	Asp	Ala	Ile	Pro	Thr	Lys	Gly	Leu	Thr	Leu	Asp	
225					230					235				240		
gac	gtc	agc	gag	ttg	tct	gat	atg	tgt	cgg	gac	ggt	atg	ttg	gca	gcc	768
Asp	Val	Ser	Glu	Leu	Ser	Asp	Met	Cys	Arg	Asp	Val	Met	Leu	Ala	Ala	
			245					250					255			
tat	aag	gaa	ggt	act	cta	gaa	gct	cag	caa	cga	aat	gcg	aca	cgg	cgt	816
Tyr	Lys	Glu	Val	Thr	Leu	Glu	Ala	Gln	Gln	Arg	Asn	Ala	Thr	Arg	Arg	
			260					265				270				
gga	gaa	aca	aaa	gac	ggg	aag	aaa	tct	gag	taa						849
Gly	Glu	Thr	Lys	Asp	Gly	Lys	Lys	Ser	Glu							
		275					280									

<210> 41

<211> 282

<212> PRT

<213> Caenorhabditis elegans

<400> 41

Met	Glu	Asn	Phe	Trp	Ser	Ile	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Leu	Ser	Ile	Leu	
1				5					10					15		
Phe	Ile	Leu	Tyr	Asn	Ile	Ser	Thr	Val	Cys	His	Tyr	Tyr	Met	Arg	Ile	
			20					25					30			
Ser	Phe	Tyr	Tyr	Phe	Thr	Ile	Leu	Leu	His	Gly	Met	Glu	Val	Cys	Val	
		35					40					45				
Thr	Met	Ile	Pro	Ser	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Gly	Ala	Asp	Tyr	Val	Phe	
	50					55					60					
His	Ser	Phe	Phe	Tyr	Trp	Cys	Lys	Trp	Thr	Gly	Val	His	Thr	Thr	Val	
65					70					75					80	

Tyr	Gly	Tyr	Glu	Lys	Thr	Gln	Val	Glu	Gly	Pro	Ala	Val	Val	Ile	Cys		
				85					90					95			
Asn	His	Gln	Ser	Ser	Leu	Asp	Ile	Leu	Ser	Met	Ala	Ser	Ile	Trp	Pro		
				100					105					110			
Lys	Asn	Cys	Val	Val	Met	Met	Lys	Arg	Ile	Leu	Ala	Tyr	Val	Pro	Phe		
				115					120					125			
Phe	Asn	Leu	Gly	Ala	Tyr	Phe	Ser	Asn	Thr	Ile	Phe	Ile	Asp	Arg	Tyr		
				130					135					140			
Asn	Arg	Glu	Arg	Ala	Met	Ala	Ser	Val	Asp	Tyr	Cys	Ala	Ser	Glu	Met		
145					150					155					160		
Lys	Asn	Arg	Asn	Leu	Lys	Leu	Trp	Val	Ser	Pro	Glu	Gly	Thr	Arg	Asn		
				165					170					175			
Arg	Glu	Gly	Gly	Phe	Ile	Pro	Phe	Lys	Lys	Gly	Ala	Phe	Asn	Ile	Ala		
				180					185					190			
Val	Arg	Ala	Gln	Ile	Pro	Ile	Ile	Pro	Val	Val	Phe	Ser	Asp	Tyr	Arg		
				195					200					205			
Asp	Phe	Tyr	Ser	Lys	Pro	Gly	Arg	Tyr	Phe	Lys	Asn	Asp	Gly	Glu	Val		
				210					215					220			
Val	Ile	Arg	Val	Leu	Asp	Ala	Ile	Pro	Thr	Lys	Gly	Leu	Thr	Leu	Asp		
225					230					235					240		
Asp	Val	Ser	Glu	Leu	Ser	Asp	Met	Cys	Arg	Asp	Val	Met	Leu	Ala	Ala		
				245					250					255			
Tyr	Lys	Glu	Val	Thr	Leu	Glu	Ala	Gln	Arg	Asn	Ala	Thr	Arg	Arg			
				260					265					270			
Gly	Glu	Thr	Lys	Asp	Gly	Lys	Lys	Ser	Glu								
				275					280								

atg	gag	aac	ttc	tgg	tcg	atc	gtc	gtg	ttt	ttt	cta	ctc	tca	att	ctc	48
Met	Glu	Asn	Phe	Trp	Ser	Ile	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Leu	Ser	Ile	Leu	
1				5					10					15		
ttc	att	tta	tat	aac	ata	tcg	aca	gta	tgc	cac	tac	tat	gtg	cgg	att	96
Phe	Ile	Leu	Tyr	Asn	Ile	Ser	Thr	Val	Cys	His	Tyr	Tyr	Val	Arg	Ile	
			20					25					30			
tcg	ttt	tat	tac	ttc	aca	att	tta	ttg	cat	gga	atg	gaa	gtt	tgt	gtt	144
Ser	Phe	Tyr	Tyr	Phe	Thr	Ile	Leu	Leu	His	Gly	Met	Glu	Val	Cys	Val	
		35					40				45					
aca	atg	atc	cct	tct	tgg	cta	aat	ggg	aag	ggg	gct	tac	gtg	ttt		192
Thr	Met	Ile	Pro	Ser	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Gly	Ala	Asp	Tyr	Val	Phe	
	50				55					60						
cac	tcg	ttt	ttc	tat	tgg	tgt	aaa	tgg	act	ggg	gtt	cat	aca	aca	gtc	240
His	Ser	Phe	Phe	Tyr	Trp	Cys	Lys	Trp	Thr	Gly	Val	His	Thr	Thr	Val	

51

65	70	75	80	
tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt				288
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys				
	85	90	95	
aat cat cag agt tct ctc gac att cta tcg atg gca tca atc tgg ccg				336
Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro				
	100	105	110	
aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc				384
Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe				
	115	120	125	
ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat				432
Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr				
	130	135	140	
aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg				480
Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met				
	145	150	155	160
aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat				528
Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn				
	165	170	175	
cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca				576
Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala				
	180	185	190	
gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg				624
Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg				
	195	200	205	
gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt				672
Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val				
	210	215	220	
gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat				720
Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp				
	225	230	235	240
gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc				768
Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala				
	245	250	255	
tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt				816
Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg				
	260	265	270	
gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa				849
Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu				
	275	280		

<210> 43

<211> 282

<212> PRT

<213> Caenorhabditis elegans

<400> 43

Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu	
1	5 10 15
Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Val Arg Ile	
	20 25 30
Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val	

52

35 40 45
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe
 50 55 60
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val
 65 70 75 80
 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys
 85 90 95
 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro
 100 105 110
 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe
 115 120 125
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
 130 135 140
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
 145 150 155 160
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
 165 170 175
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
 180 185 190
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg
 195 200 205
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
 210 215 220
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
 225 230 235 240
 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
 245 250 255
 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
 260 265 270
 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu
 275 280

<210> 44

<211> 849

<212> DNA

<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(849)

<223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

<400> 44

atg gag aac ttc tgg tcg atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc 48
 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu
 1 5 10 15
 ttc att tta tat aac ata tcg aca gta tgc cac tac tat atg cgg att 96
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile
 20 25 30
 tcg ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt 144
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val

53

```

      35              40              45
aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt      192
Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe
      50              55              60
cac tcg ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc      240
His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val
      65              70              75              80
tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gcc gta gtt att tgt      288
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys
      85              90              95
aat cat cag ggt tct ctc gac att cta tcg atg gca tca atc tgg ccg      336
Asn His Gln Gly Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro
      100              105              110
aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc      384
Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe
      115              120              125
ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat      432
Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
      130              135              140
aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg      480
Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
      145              150              155              160
aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat      528
Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
      165              170              175
cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca      576
Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
      180              185              190
gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg      624
Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg
      195              200              205
gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt      672
Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
      210              215              220
gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat      720
Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
      225              230              235              240
gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc      768
Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
      245              250              255
tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt      816
Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
      260              265              270
gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa      849
Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu
      275              280

```

<210> 45

<211> 282

<212> PRT

<213> Caenorhabditis elegans

<400> 45

54

Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu
 1 5 10 15
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile
 20 25 30
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val
 35 40 45
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe
 50 55 60
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val
 65 70 75 80
 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys
 85 90 95
 Asn His Gln Gly Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro
 100 105 110
 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe
 115 120 125
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
 130 135 140
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
 145 150 155 160
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
 165 170 175
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
 180 185 190
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg
 195 200 205
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
 210 215 220
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
 225 230 235 240
 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
 245 250 255
 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
 260 265 270
 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu
 275 280

<210> 46

<211> 1578

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1578)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 46

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac
 Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
 1 5 10 15

48

55

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc	96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe	
20 25 30	
agt tat gtg tct tca act gtt ggt tgc tgg agc gta cac agt ata caa	144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln	
35 40 45	
cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tgc gaa agc gct gcc	192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala	
50 55 60	
gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tgc agt acc cag gga	240
Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly	
65 70 75 80	
act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg	288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg	
85 90 95	
tca tct cag tgg aag aag tgc aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta	336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val	
100 105 110	
cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat	384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr	
115 120 125	
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt	432
Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser	
130 135 140	
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca	480
Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala	
145 150 155 160	
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag	528
Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu	
165 170 175	
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga	576
Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg	
180 185 190	
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tgc aaa ttg tac tat	624
Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr	
195 200 205	
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca	672
Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala	
210 215 220	
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt	720
Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys	
225 230 235 240	
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt	768
Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe	
245 250 255	
ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg	816
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly	
260 265 270	
tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag	864
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys	
275 280 285	
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act	912
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr	
290 295 300	

56

tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg 960
 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
 305 310 315 320
 agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc 1008
 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
 325 330 335
 ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt 1056
 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
 340 345 350
 ggt agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc 1104
 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
 355 360 365
 tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac 1152
 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
 370 375 380
 ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca 1200
 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
 385 390 395 400
 tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc 1248
 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
 405 410 415
 ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct 1296
 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
 420 425 430
 aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga 1344
 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
 435 440 445
 aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag 1392
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
 450 455 460
 cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca 1440
 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
 465 470 475 480
 cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac 1488
 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
 485 490 495
 gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa 1536
 Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
 500 505 510
 gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa 1578
 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 515 520 525

<210> 47

<211> 525

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 47

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
 1 5 10 15
 Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

57

20 25 30
 Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
 35 40 45
 Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
 50 55 60
 Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
 65 70 75 80
 Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
 85 90 95
 Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
 100 105 110
 His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
 115 120 125
 Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
 130 135 140
 Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
 145 150 155 160
 Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
 165 170 175
 Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
 180 185 190
 Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
 195 200 205
 Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
 210 215 220
 Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
 225 230 235 240
 Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
 245 250 255
 Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
 260 265 270
 Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
 275 280 285
 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
 290 295 300
 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
 305 310 315 320
 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
 325 330 335
 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
 340 345 350
 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
 355 360 365
 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
 370 375 380
 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
 385 390 395 400
 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
 405 410 415
 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
 420 425 430
 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
 435 440 445
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu

58

450	455	460
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala		
465	470	475
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp		480
	485	490
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu		495
	500	505
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser		510
515	520	525

<210> 48

<211> 1192

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (58)..(930)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 48

ctgcttcgtc	tcattcttggg	ggtgtgattc	gggagtggggt	tgagttgggtg	gagcgcga	57
atg gag gtc	gtg gag aga	ttc tac	ggt gag ttg	gat ggg aag	gtc tcg	105
Met Glu Val	Val Glu Arg	Phe Tyr	Gly Glu Leu	Asp Gly Lys	Val Ser	
1	5	10	15			
cag ggc	gtg aat gca	ttg ctg	ggt agt ttt	ggg gtg	gag ttg	153
Gln Gly	Val Asn Ala	Leu Leu	Gly Ser Phe	Gly Val	Glu Leu	
	20	25	30			
acg ccc	act acc aaa	ggc ttg	ccc ctc	ggt gac	agt ccc	201
Thr Pro	Thr Thr Lys	Gly Leu	Pro Leu	Val Asp	Ser Pro	
	35	40	45			
gtc ctc	ggt gtt tct	gta tac	ttg act	att gtc	att gga	249
Val Leu	Gly Val Ser	Val Tyr	Leu Thr	Ile Val	Ile Gly	
50	55	60				
tgg ata	aag gcc agg	gat ctg	aaa ccg	cgc gcc	tcg gag	297
Trp Ile	Lys Ala Arg	Asp Leu	Lys Pro	Arg Ala	Ser Glu	
65	70	75	80			
ctc caa	gct ttg	gtg ctt	gtg cac	aac ctg	ttc tgt	345
Leu Gln	Ala Leu	Val Leu	Val His	Asn Leu	Phe Cys	
	85	90	95			
ctg tat	atg tgc	gtg ggc	atc gct	tat cag	gct att	393
Leu Tyr	Met Cys	Val Gly	Ile Ala	Tyr Gln	Ala Ile	
	100	105	110			
tct ctc	tgg ggc	aat gca	tac aat	cct aaa	cat aaa	441
Ser Leu	Trp Gly	Asn Ala	Tyr Asn	Pro Lys	His Lys	
115	120	125				
ctg gta	tac ttg	ttc tac	atg tct	aag tac	gtg gaa	489
Leu Val	Tyr Leu	Phe Tyr	Met Ser	Lys Tyr	Val Glu	
130	135	140				
gtt atc	atg ata	ctg aag	cgc agc	acc agg	caa ata	537
Val Ile	Met Ile	Leu Lys	Arg Ser	Thr Arg	Gln Ile	
145	150	155	160			

59

```

gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat      585
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
                               165                               170                               175
cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga      633
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
                               180                               185                               190
gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga      681
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
                               195                               200                               205
agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg      729
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
                               210                               215                               220
aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac      777
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
                               225                               230                               235                               240
tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att      825
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
                               245                               250                               255
ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac      873
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
                               260                               265                               270
gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa      921
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
                               275                               280                               285
act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg      970
Thr Glu
                               290
aagttggtgc tttcttatct ccacttatct tttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg      1030
tgggcgtag ctgcaagtag tcatcaatat aatcggcctg agcacttcag atggattgtt      1090
agaacatgag taaaagcgtg tattacggtg tttattttgt accaaatcac cgcacgggtg      1150
aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa                        1192

```

<210> 49

<211> 290

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 49

```

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1                               5                               10                               15
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
                               20                               25                               30
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
                               35                               40                               45
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
                               50                               55                               60
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65                               70                               75                               80
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
                               85                               90                               95
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
                               100                               105                               110

```

60

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125
 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140
 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160
 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175
 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190
 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205
 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220
 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270
 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285
 Thr Glu
 290

<210> 50

<211> 1410

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1410)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 50

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1 5 10 15
 gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96
 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
 20 25 30
 ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144
 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
 35 40 45
 gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192
 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
 50 55 60
 ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240
 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80
 acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288

61

Thr	Glu	Lys	His	Leu	Glu	Lys	Met	Lys	Arg	Val	Gly	Lys	Val	Thr	Asp	
				85					90					95		
ttc	gtc	tgc	gag	tac	aag	ttc	gat	acc	gaa	ttt	gaa	cgc	gaa	atc	aaa	336
Phe	Val	Cys	Glu	Tyr	Lys	Phe	Asp	Thr	Glu	Phe	Glu	Arg	Glu	Ile	Lys	
			100					105					110			
cga	gaa	gtc	ttc	aag	att	gtg	cga	cga	ggc	aag	gat	ttc	ggg	act	ttg	384
Arg	Glu	Val	Phe	Lys	Ile	Val	Arg	Arg	Gly	Lys	Asp	Phe	Gly	Thr	Leu	
			115					120				125				
gga	tgg	ttc	ttc	cgt	gcg	ttt	tgc	tac	att	gcc	att	ttc	ttc	tac	ctg	432
Gly	Trp	Phe	Phe	Arg	Ala	Phe	Cys	Tyr	Ile	Ala	Ile	Phe	Phe	Tyr	Leu	
			130			135					140					
cag	tac	cat	tgg	gtc	acc	acg	gga	acc	tct	tgg	ctg	ctg	gcc	gtg	gcc	480
Gln	Tyr	His	Trp	Val	Thr	Thr	Gly	Thr	Ser	Trp	Leu	Leu	Ala	Val	Ala	
			145		150					155					160	
tac	gga	atc	tcc	caa	gcg	atg	att	ggc	atg	aat	gtc	cag	cac	gat	gcc	528
Tyr	Gly	Ile	Ser	Gln	Ala	Met	Ile	Gly	Met	Asn	Val	Gln	His	Asp	Ala	
			165						170					175		
aac	cac	ggg	gcc	acc	tcc	aag	cgt	ccc	tgg	gtc	aac	gac	atg	cta	ggc	576
Asn	His	Gly	Ala	Thr	Ser	Lys	Arg	Pro	Trp	Val	Asn	Asp	Met	Leu	Gly	
			180					185					190			
ctc	ggg	gcg	gat	ttt	att	ggg	ggg	tcc	aag	tgg	ctc	tgg	cag	gaa	caa	624
Leu	Gly	Ala	Asp	Phe	Ile	Gly	Gly	Ser	Lys	Trp	Leu	Trp	Gln	Glu	Gln	
			195				200					205				
cac	tgg	acc	cac	cac	gct	tac	acc	aat	cac	gcc	gag	atg	gat	ccc	gat	672
His	Trp	Thr	His	His	Ala	Tyr	Thr	Asn	His	Ala	Glu	Met	Asp	Pro	Asp	
			210			215					220					
agc	ttt	ggg	gcc	gaa	cca	atg	ctc	cta	ttc	aac	gac	tat	ccc	ttg	gat	720
Ser	Phe	Gly	Ala	Glu	Pro	Met	Leu	Leu	Phe	Asn	Asp	Tyr	Pro	Leu	Asp	
			225		230					235				240		
cat	ccc	gct	cgt	acc	tgg	cta	cat	cgc	ttt	caa	gca	ttc	ttt	tac	atg	768
His	Pro	Ala	Arg	Thr	Trp	Leu	His	Arg	Phe	Gln	Ala	Phe	Phe	Tyr	Met	
			245					250						255		
ccc	gtc	ttg	gct	gga	tac	tgg	ttg	tcc	gct	gtc	ttc	aat	cca	caa	att	816
Pro	Val	Leu	Ala	Gly	Tyr	Trp	Leu	Ser	Ala	Val	Phe	Asn	Pro	Gln	Ile	
			260					265					270			
ctt	gac	ctc	cag	caa	cgc	ggc	gca	ctt	tcc	gtc	ggg	atc	cgt	ctc	gac	864
Leu	Asp	Leu	Gln	Gln	Arg	Gly	Ala	Leu	Ser	Val	Gly	Ile	Arg	Leu	Asp	
			275				280					285				
aac	gct	ttc	att	cac	tcg	cga	cgc	aag	tat	gcg	ggt	ttc	tgg	cgg	gct	912
Asn	Ala	Phe	Ile	His	Ser	Arg	Arg	Lys	Tyr	Ala	Val	Phe	Trp	Arg	Ala	
			290			295					300					
gtg	tac	att	gcg	gtg	aac	gtg	att	gct	ccg	ttt	tac	aca	aac	tcc	ggc	960
Val	Tyr	Ile	Ala	Val	Asn	Val	Ile	Ala	Pro	Phe	Tyr	Thr	Asn	Ser	Gly	
			305		310					315				320		
ctc	gaa	tgg	tcc	tgg	cgt	gtc	ttt	gga	aac	atc	atg	ctc	atg	ggg	gtg	1008
Leu	Glu	Trp	Ser	Trp	Arg	Val	Phe	Gly	Asn	Ile	Met	Leu	Met	Gly	Val	
			325					330						335		
gcg	gaa	tcg	ctc	gcg	ctg	gcg	gtc	ctg	ttt	tcg	ttg	tcg	cac	aat	ttc	1056
Ala	Glu	Ser	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Phe	Ser	Leu	Ser	His	Asn	Phe	
			340				345						350			
gaa	tcc	gcg	gat	cgc	gat	ccg	acc	gcc	cca	ctg	aaa	aag	acg	gga	gaa	1104
Glu	Ser	Ala	Asp	Arg	Asp	Pro	Thr	Ala	Pro	Leu	Lys	Lys	Thr	Gly	Glu	
			355				360					365				
cca	gtc	gac	tgg	ttc	aag	aca	cag	gtc	gaa	act	tcc	tgc	act	tac	ggg	1152

62

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly	
370 375 380	
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu	
385 390 395 400	
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala	
405 410 415	
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr	
420 425 430	
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His	
435 440 445	
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro	
450 455 460	
ttg acc gga cgg gcg taa	1410
Leu Thr Gly Arg Ala	
465	

<210> 51

<211> 469

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 51

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val	
1 5 10 15	
Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser	
20 25 30	
Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr	
35 40 45	
Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe	
50 55 60	
Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His	
65 70 75 80	
Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp	
85 90 95	
Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys	
100 105 110	
Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu	
115 120 125	
Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu	
130 135 140	
Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala	
145 150 155 160	
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala	
165 170 175	
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly	
180 185 190	
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln	

63

195	200	205
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp		
210	215	220
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp		
225	230	235
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met		
	245	250
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile		
	260	265
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp		
	275	280
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala		
	290	295
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly		
305	310	315
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val		
	325	330
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe		
	340	345
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu		
	355	360
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly		
	370	375
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu		
385	390	395
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala		
	405	410
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr		
	420	425
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His		
	435	440
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro		
	450	455
Leu Thr Gly Arg Ala		460
465		

<210> 52

<211> 3598

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<221> misc_feature

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionska
ssette in Vektor pUC19 dar

<400> 52

tcgcgcgttt	cggtgatgac	ggtgaaaacc	tctgacacat	gcagctcccg	gagacgggtca	60
cagcttgtct	gtaagcggat	gccgggagca	gacaagcccg	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120
ttggcgggtg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180
accatatgcg	gtgtgaaata	ccgcacagat	gcgtaaggag	aaaataccgc	atcaggcgcc	240
attcgccatt	caggctgcgc	aactgttggg	aagggcgatc	ggtgcgggcc	tcttcgctat	300

tacgccagct	ggcgaaaggg	ggatgtgctg	caaggcgatt	aagttgggta	acgccagggt	360
tttcccagtc	acgacgttgt	aaaacgacgg	ccagtgaatt	cggcgcgccg	agctcctcga	420
gcaaatttac	acattgccac	taaacgtcta	aacccttgta	atttgttttt	gttttactat	480
gtgtgttatg	tatttgatgt	gcgataaatt	tttatatttg	gtactaaatt	tataacacct	540
tttatgctaa	cgtttgccaa	cacttagcaa	tttgcaagtt	gattaattga	ttctaaatta	600
tttttgtctt	ctaaatacat	atactaata	actggaaatg	taaatatttg	ctaataatttc	660
tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggtttggaga	tttaattggt	720
gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attcctgagg	ataataatgg	780
taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaagggttag	taatttttca	840
agacaacaat	gttaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgcc	tgtggaaagt	900
ttaaaaatat	tttggaaatg	atttgcatgg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960
ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttcatgca	actagttag	catgtagtct	1020
atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080
taattttctt	atagccagcc	caccgcggtg	ggcgcccgcc	tgcagtctag	aaggcctcct	1140
gctttaatga	gatatgcgag	acgcctatga	tcgcatgata	tttgctttca	attctgttgt	1200
gcacgttgta	aaaaacctga	gcatgtgtag	ctcagatcct	taccgccggt	ttcggttcat	1260
tctaataaat	atatcaccgg	ttactatcgt	atttttatga	ataatattct	ccgttcaatt	1320
tactgattgt	ccgtcgacga	attcgagctc	ggcgccgcaa	gcttggcgta	atcatgggtca	1380
tagctgtttc	ctgtgtgaaa	ttgttatccg	ctcacaattc	cacacaacat	acgagccgga	1440
agcataaagt	gtaaagcctg	gggtgcctaa	tgagtgaagt	aactcacatt	aattgcgttg	1500
cgctcactgc	ccgctttcca	gtcgggaaac	ctgtcgtgcc	agctgcatta	atgaatcggc	1560
caacgcgcgg	ggagagggcg	tttgcggtat	gggcgctctt	ccgcttcttc	gctcactgac	1620
tcgctgcgct	cggtcggtcg	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	ggcggtaata	1680
cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	aggccagcaa	1740
aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgttg	ctggcggttt	tccataggct	ccgccccctt	1800
gacgagcatc	acaaaaatcg	acgtcgaagt	cagaggtggc	gaaacccgac	aggactataa	1860
agataccagg	cgtttcccc	tggaaagctc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	gacctgccc	1920
cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tggcgctttc	tcatagctca	1980
cgctgtaggt	atctcagttc	gggtgtaggtc	gttcgctcca	agctgggctg	tgtgcacgaa	2040
cccccggtt	agcccgaccg	ctgcgcctta	tccggtaact	atcgtcttga	gtccaacccg	2100
gtaagacacg	acttatcgcc	actggcagca	gccactggta	acaggattag	cagagcgagg	2160
tatgtagggc	gtgctacaga	gttcttgaag	tgggtggccta	actacggcta	cactagagg	2220
acagtatttg	gtatctgcgc	tctgctgaag	ccagttacct	tcggaaaaag	agttggtagc	2280
tcttgatccg	gcaaacaac	caccgctggt	agcgggtggt	tttttgtttg	caagcagcag	2340
attacgcgca	gaaaaaaagg	atctcaagaa	gatcctttga	tcttttctac	ggggtctgac	2400
gctcagtggg	acgaaaaactc	acgttaagg	attttggtca	tgagattatc	aaaaaggatc	2460
ttcacctaga	tcctttttaa	ttaaaaatga	agttttaaat	caatctaaag	tatatatgag	2520
taaacttggg	ctgacagtta	ccaatgctta	atcagtggag	cacctatctc	agcgatctgt	2580
ctatttcggt	catccatagt	tgccctgactc	cccgctcgtg	agataactac	gatacgggag	2640
ggcttaccat	ctggccccag	tgctgcaatg	ataccgcgag	accacgcctc	accggctcca	2700
gatttatcag	caataaaacca	gccagccgga	agggccgagc	gcagaagtgg	tcctgcaact	2760
ttatccgcct	ccatccagtc	tattaattgt	tgccgggaag	ctagagtaag	tagttcgcca	2820
gttaatatgt	tgcgcaacgt	tggtgccatt	gctacaggca	tcgtggtgtc	acgctcgtcg	2880
tttggtaggg	cttcattcag	ctccggttcc	caacgatcaa	ggcgagttac	atgatcccc	2940
atgttgtgca	aaaaagcggg	tagctccttc	ggtcctccga	tcgttgctcag	aagtaagttg	3000
gccgcagtgt	tatcactcat	ggttatggca	gactgctgag	tactcaacca	agtcattctg	3060
tcgtaagat	gcttttctgt	gactggtgag	tactcaacca	agtcattctg	agaatagtgt	3120
atgcggcgac	cgagttgctc	ttgcccggcg	tcaatacggg	ataataccgc	gccacatagc	3180
agaactttaa	aagtgtcat	cattggaaaa	cgttcttcgg	ggcgaaaact	ctcaaggatc	3240
ttaccgctgt	tgagatccag	ttcgatgtaa	ccactcgtg	cacccaactg	atcttcagca	3300
tcctttactt	tcaccagcgt	ttctgggtga	gcaaaaacag	gaaggcaaaa	tgccgcaaaa	3360
aagggaataa	ggcgacacg	gaaatgttga	atactcatc	tcttctcttt	tcaatattat	3420
tgaagcattt	atcagggtta	ttgtctcatg	agcggataca	tatttgaatg	tatttagaaa	3480
aataaataaa	taggggttcc	gcgcacattt	ccccgaaaag	tgccacctga	cgtctaagaa	3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598

<210> 53

<211> 3590

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<221> misc_feature

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionska
ssette in Vektor pUC19 dar

<400> 53

tcgcgcgttt	cggtgatgac	ggtgaaaacc	tctgacacat	gcagctcccc	gagacgggtca	60
cagcttgtct	gtaagcggat	gccgggagca	gacaagcccc	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120
ttggcgggtg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180
accatatgcg	gtgtgaaata	cgcacagat	gcgtaggag	aaaataccgc	atcaggcgcc	240
attcgccatt	caggctgcgc	aactgttggg	aaggcgatc	ggtgcgggcc	tcttcgctat	300
tacgccagct	ggcgaaaggg	ggatgtgctg	caaggcgatt	aagttgggta	acgccagggt	360
tttcccagtc	acgacgttgt	aaaacgacgg	ccagtgaatt	cggcgcgccg	agctcctoga	420
gcaaatttac	acattgccac	taaacgtcta	aacccttgta	atttgttttt	gttttactat	480
gtgtgttatg	tatttgattt	gcgataaatt	tttataattg	gtactaaatt	tataacacct	540
tttatgtctaa	cgtttgccaa	cacttagcaa	tttgcaagtt	gattaattga	ttctaaatta	600
tttttgtctt	ctaaatacat	atactaata	actggaaatg	taaatatttg	ctaataatttc	660
tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggtttggaga	tttaattggt	720
gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attcttgagg	ataataatgg	780
taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaagggttag	taatttttca	840
agacaacaat	gttaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgccc	tgtggaaagt	900
ttaaaaaatat	tttggaaatg	atttgcatgg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960
ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttacatgca	actagttagt	catgtagtct	1020
atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080
taattttcttc	atagccagcg	gatccgatat	cgggcccgcg	agcgttaacc	ctgctttaat	1140
gagatatgcg	agacgcctat	gatcgcagta	tatttgcttt	caattctggt	gtgcacgttg	1200
taaaaaacct	gagcatgtgt	agctcagatc	cttaccgcgc	gtttcgggtc	attctaattga	1260
atatatcacc	cgttactatc	gtatttttat	gaataatatt	ctccgttcaa	tttactgatt	1320
gtccgtcgac	gaattcgagc	tcggcgcgcc	aagcttggcg	taatcatggt	catagctggt	1380
tcctgtgtga	aattgttatc	cgctcacaat	tccacacaa	atacgagccg	gaagcataaa	1440
gtgtaaagcc	tggggtgcct	aatgagttag	ctaactcaca	ttaattgcgt	tgcgctcact	1500
gcccgccttc	cagtcgggaa	acctgtcgtg	ccagctgcat	taatgaatcg	gccaacgcgc	1560
ggggagaggc	ggtttgcgta	ttgggcgcgc	ttccgcttcc	tcgctcactg	actcgcgtgcg	1620
ctcggtcggt	cggctgcggc	gagcggatat	agctcactca	aaggcggtaa	tacggttatc	1680
cacagaatca	ggggataacg	caggaaagaa	catgtgagca	aaaggccagc	aaaaggccag	1740
gaaccgtaaa	aaggccgcgt	tgctggcggt	tttccatagg	ctccgcccc	ctgacgagca	1800
tcacaaaaat	cgacgctcaa	gtcagagggt	gcgaaacccg	acaggactat	aaagatacca	1860
ggcgtttccc	cctggaagct	ccctcgtgcg	ctctcctggt	ccgaccctgc	cgcttacccg	1920
atacctgtcc	gcctttctcc	cttcgggaag	cgtggcgctt	tctcatagct	cacgctgtag	1980
gtatctcagt	tcgggttagg	tcgttcgctc	caagctgggc	tgtgtgcacg	aacccccctg	2040
tcagcccgac	cgctgcgcct	tatccggtaa	ctatcgtctt	gagtccaacc	cggttaagaca	2100
cgacttatcg	ccactggcag	cagccactgg	taacaggatt	agcagagcga	ggtatgtagg	2160
cggtgtctaca	gagttcttga	agtgggtggc	taactacggc	tacactagaa	ggacagtatt	2220
tggtatctgc	gctctgctga	agccagttac	cttcggaaaa	agagttggta	gctcttgatc	2280
cggcaaacaa	accaccgctg	gtagcgggtg	tttttttggt	tgcaagcagc	agattacgcg	2340

66

cagaaaaaaaa	ggatctcaag	aagatccttt	gatcttttct	acgggggtctg	acgctcagtg	2400
gaacgaaaaac	tcacgttaag	ggatttttgg	catgagatta	tcaaaaagga	tcttcaccta	2460
gatccttttta	aattaaaaat	gaagttttta	atcaatctaa	agtatatatg	agtaaaacttg	2520
gtctgacagt	taccaatgct	taatcagtg	ggcacctatc	tcagcgatct	gtctatttcg	2580
ttcatccata	gttgccctgac	tccccgtcgt	gtagataact	acgatacggg	agggccttacc	2640
atctggcccc	agtgtctgca	tgataccgcg	agaccacgc	tcaccggctc	cagattttatc	2700
agcaataaac	cagccagccg	gaagggccga	gcgcagaagt	ggctctgcaa	ctttatccgc	2760
ctccatccag	tctattaatt	gttgccggga	agctagagta	agtagttcgc	cagttaatag	2820
tttgcgcaac	gttggttgcca	ttgctacagg	catcgtggtg	tcacgctcgt	cgttttggtat	2880
ggcttcattc	agctccgggt	cccaacgatc	aaggcgagtt	acatgatccc	ccatggtgtg	2940
caaaaaagcg	gttagctcct	tcggctcctc	gatcgttctc	agaagtaagt	tggccgcagt	3000
gttatcactc	atgggttatgg	cagcactgca	taattctctt	actgtcatgc	catccgtaag	3060
atgcttttct	gtgactgggt	agtactcaac	caagtcattc	tgagaatagt	gtatgcgggcg	3120
accgagttgc	tcttgcccg	cgtcaatacg	ggataatacc	gcgccacata	gcagaacttt	3180
aaaagtgtc	atcattggaa	aacgttcttc	ggggcgaaaa	ctctcaagga	tcttaccgct	3240
gttgagatcc	agttcgatgt	aaccactcgt	tgcaccaaac	tgatcttcag	catcttttac	3300
tttcaccagc	gtttctgggt	gagcaaaaac	aggaaggcaa	aatgccgcaa	aaaaggggaat	3360
aagggcgaca	cggaaatgtt	gaatactcat	actcttcctt	tttcaatatt	attgaagcat	3420
ttatcagggt	tattgtctca	tgagcggata	catatttgaa	tgtatttaga	aaaataaaca	3480
aataggggtt	ccgcgcacat	ttccccgaaa	agtgccacct	gacgtctaag	aaaccattat	3540
tatcatgaca	ttaacctata	aaaataggcg	tatcacgagg	ccctttcgtc		3590

<210> 54

<211> 3584

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<221> misc_feature

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor pUC19 dar

<400> 54

tcgcgcgttt	cggatgatgac	ggtgaaaacc	tctgacacat	gcagctcccc	gagacgggtca	60
cagcttgtct	gtaagcggat	gccgggagca	gacaagcccg	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120
ttggcgggtg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180
accatattgcg	gtgtgaaata	ccgcacagat	gcgtaaggag	aaaataccgc	atcaggcgcc	240
attcgccatt	caggctgcgc	aactgttggg	aagggcgatc	ggtgcggggc	tcttcgctat	300
tacgccagct	ggcgaaagg	ggatgtgctg	caaggcgatt	aagttgggta	acgccagggt	360
tttcccagtc	acgacgttgt	aaaacgacgg	ccagtgaatt	cggcgcgccg	agtcctcga	420
gcaaatttac	acattgccac	taaacgtcta	aacccttgta	atttgttttt	gttttactat	480
gtgtgttatg	tatttgattt	gcgataaatt	tttatatttg	gtactaaatt	tataacacct	540
tttatgctaa	cgtttgcaa	cacttagcaa	tttgcaagtt	gattaattga	ttctaaatta	600
ttttgtctt	ctaaatacat	atactaata	actggaaatg	taaatatttg	ctaataatttc	660
tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggtttggaga	tttaattggt	720
gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attcttgagg	ataataatgg	780
taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaaggttag	taatttttca	840
agacaacaat	gttaaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgcc	tgtggaaagt	900
ttaaaaaatat	tttggaatg	atttgcattg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960
ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttacatgca	actagttagt	catgtagtct	1020
atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080
taattttctt	atagccagca	gatctgccgg	catcgatccc	gggcatggc	ctgctttaat	1140

67

gagatatg	cg	agacgcctat	gatcgcatga	tattttgcttt	caattctgtt	gtgcacgttg	1200
taaaaaacct	gagcatgtgt	agctcagatc	cttaccgccc	gtttcgggttc	attctaata	ga	1260
atatatcacc	cgttactatc	gtatTTTTat	gaataatatt	ctccgttcaa	tttactgatt		1320
gtccgctcgac	gagctcggcg	cgccaagctt	ggcgtaatca	tggtcatagc	tgtttcctgt		1380
gtgaaattgt	tatccgctca	caattccaca	caacatacga	gccggaagca	taaagtgtaa		1440
agcctgggg	gcctaattgag	tgagctaact	cacattaatt	gcgttgcgct	cactgcccg		1500
tttccagtcg	ggaaacctgt	cgtgccagct	gcattaatga	atcggccaac	gcgcggggag		1560
aggcggtttg	cgtattgggc	gctcttccgc	ttcctcgctc	actgactcgc	tgcgctcggt		1620
cgttcgggtg	cggcgagcgg	tatcagctca	ctcaaaggcg	gtaatacggg	tatccacaga		1680
atcaggggat	aacgcaggaa	agaacatgtg	agcaaaaggc	cagcaaaagg	ccaggaaccg		1740
taaaaaggcc	gcgttgctgg	cgTTTTtcca	taggctccgc	ccccctgacg	agcatcacaa		1800
aatcgacgc	tcaagtcaga	ggTggcga	cccgcagga	ctataaagat	accaggcggt		1860
tccccctgga	agctccctcg	tgcgctctcc	tgttccgacc	ctgccgctta	ccggatacct		1920
gtccgccttt	ctcccttcgg	gaagcgtggc	gctttctcat	agctcacgct	gtaggtatct		1980
cagttcgggtg	taggtcgttc	gctccaagct	gggctgtgtg	cacgaacccc	ccgttcagcc		2040
cgaccgctgc	gccttatccg	gtaactatcg	tcttgagtcc	aacccggtaa	gacacgactt		2100
atcgccactg	gcagcagcca	ctggtaacag	gattagcaga	gcgaggatg	taggcgggtg		2160
tacagagttc	ttgaagtgg	ggcctaacta	cggctacact	agaaggacag	tatttggtat		2220
ctgcgctctg	ctgaagccag	ttaccttcgg	aaaaagagtt	ggtagctctt	gatccggcaa		2280
acaaaccacc	gctggttagcg	gtggtttttt	tgTTtgcaag	cagcagatta	cgcgcagaaa		2340
aaaaggatct	caagaagatc	ctttgatctt	ttctacgggg	tctgacgctc	agtggaaacga		2400
aaactcacgt	taagggattt	tggtcatgag	attatcaaaa	aggatcttca	cctagatcct		2460
tttaaattaa	aatgaagtt	ttaaatcaat	ctaaagtata	tatgagtaaa	cttggtctga		2520
cagttacca	tgcttaatca	gtgaggcacc	tatctcagcg	atctgtctat	ttcgttcatc		2580
catagttgcc	tgactccccg	tcgtgtagat	aactacgata	cgggaggggc	taccatctgg		2640
ccccagtgct	gcaatgatac	cgcgagaccc	acgctcaccg	gctocagatt	tatcagcaat		2700
aaaccagcca	gccggaagg	ccgagcgag	aagtggctct	gcaactttat	ccgcctccat		2760
ccagtctatt	aattgttgcc	gggaagctag	agtaagtagt	tcgccagtta	atagtttgcg		2820
caacgttggt	gccattgcta	caggcatcgt	gggtgcacgc	tcgtcgtttg	gtatggcttc		2880
attcagctcc	ggttcccaac	gatcaaggcg	agttacatga	ttccccatgt	tgtgcaaaaa		2940
agcggttagc	tccttcgggc	ctccgatcgt	tgtcagaagt	aagttggccg	cagtgttatc		3000
actcatgggt	atggcagcac	tgcataattc	tcttactgtc	atgccatccg	taagatgctt		3060
ttctgtgact	ggtgagtact	caaccaagtc	attctgagaa	tagtgtagtc	ggcgaccgag		3120
ttgctcttgc	ccggcgctcaa	tacgggataa	taccgcgcca	catagcagaa	ctttaaaagt		3180
gctcatcatt	ggaaaacgtt	cttcggggcg	aaaactctca	aggatcttac	cgctgttgag		3240
atccagttcg	atgtaaccca	ctcgtgcacc	caactgatct	tcagcatctt	ttactttcac		3300
cagcgtttct	gggtgagcaa	aaacaggaag	gcaaaatgcc	gcaaaaaagg	gaataagggc		3360
gacacgga	tggtgaatac	tcatactctt	cctttttcaa	tattattgaa	gcatttatca		3420
gggttattgt	ctcatgagcg	gatacatatt	tgaatgtatt	tagaaaaata	aacaaatagg		3480
ggttccgcgc	acatttcccc	gaaaagtgcc	acctgacgtc	taagaaacca	ttattatcat		3540
gacattaacc	tataaaaata	ggcgtatcac	gaggcccttt	cgtc			3584

<210> 55

<211> 4507

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<221> misc_feature

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor pUC19 dar

<400> 55

tcgcgcggttt	cgggtgatgac	ggtgaaaacc	tctgacacat	gcagctcccg	gagacgggtca	60
cagcttgtct	gtaagcggat	gccgggagca	gacaagcccg	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120
ttggcggttg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180
accatatgcg	gtgtgaaata	cgcacagat	gcgtaaggag	aaaataccgc	atcaggcgcc	240
attcgccatt	caggtgcgc	aactgttggg	aagggcgatc	ggtgcgggccc	tcttcgctat	300
tacgccagct	ggcgaaaggg	ggatgtgctg	caaggcgatt	aagttgggta	acgccagggt	360
tttcccagtc	acgacgttgt	aaaacgacgg	ccagtgaatt	cggcgcgccg	agctcctcga	420
gcaaattttac	acattgccac	taaacgtcta	aacccttgta	atttgttttt	gttttactat	480
gtgtgttatg	tatttgattt	gcgataaatt	tttataattt	gtactaaatt	tataacacct	540
tttatgctaa	cgtttgccaa	cacttagcaa	tttgcaagtt	gattaattga	ttctaaatta	600
tttttgtctt	ctaaatacat	ataactaatca	actggaaatg	taaatatttg	ctaataatttc	660
tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggttttgaga	tttaattgtt	720
gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attccttgagg	ataataatgg	780
taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaagggttag	taatttttca	840
agacaacaat	gttaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgccc	tgtggaaagt	900
ttaaaaatat	tttggaaatg	atttgcattg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960
ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttcatgca	actagttagt	catgtagtct	1020
atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080
taattttcttc	atagccagcc	caccgcggtg	ggcgcccgcc	tgcagtctag	aaggcctcct	1140
gctttaatga	gatatgagag	acgcctatga	tcgcatgata	tttgctttca	attctgttgt	1200
gcacgttgta	aaaaacctga	gcatgtgtag	ctcagatcct	taccgcgggt	ttcggttcat	1260
tctaataaat	atatcacccg	ttactatcgt	atttttatga	ataatattct	ccgttcaatt	1320
tactgattgt	ccgtcgagca	aatttacaca	ttgccactaa	acgtctaaac	ccttgtaatt	1380
tggtttttgtt	ttactatgtg	tggtatgtat	ttgatttgcg	ataaattttt	atatttggtg	1440
ctaaattttat	aacacctttt	atgctaaccgt	ttgccaacac	ttagcaattt	gcaagttgat	1500
taattgattc	taaattattt	ttgtcttcta	aatacatata	ctaatacaact	ggaaatgtaa	1560
atattttgcta	atattttctac	tataggagaa	ttaaagttag	tgaatatggt	accacaagg	1620
ttggagattt	aattgttgca	atgctgcatg	gatggcatat	acaccaaaaca	ttcaataatt	1680
cttgaggata	ataatggtac	cacacaagat	ttgaggtgca	tgaacgtcac	gtggacaaaa	1740
ggttttagtaa	tttttcaaga	caacaatggt	accacacaca	agttttgagg	tgcatgcatg	1800
gatgccctgt	ggaaagttta	aaaatatttt	ggaaatgatt	tgcatggaag	ccatgtgtaa	1860
aaccatgaca	tccacttgga	ggatgcaata	atgaagaaaa	ctacaaattt	acatgcaact	1920
agttatgcat	gtagtctata	taatgaggat	tttgcaatac	tttcattcat	acacactcac	1980
taagttttac	acgattataa	tttcttcata	gccagcggat	ccgatatcgg	gcccgcctagc	2040
gttaaccctg	ctttaatgag	atatgagaga	cgcctatgat	cgcatgatat	ttgctttcaa	2100
ttctgttgtg	cacgttgtaa	aaaacctgag	catgtgtagc	tcagatcctt	accgcgggtt	2160
tcggttcatt	ctaataaata	tatcacccgt	tactatcgta	tttttatgaa	taataattctc	2220
cgttcaattt	actgattgtc	cgtcgacgaa	ttcgagctcg	gcgcgccaag	cttggcgtaa	2280
tcatggtcat	agctgtttcc	tgtgtgaaat	tggtatccgc	tcacaattcc	acacaacata	2340
cgagccggaa	gcataaagtg	taaagcctgg	ggtgcctaata	gagttagcta	actcacatta	2400
attgcgttgc	gctcactgcc	cgctttccag	tcgggaaacc	tgctgtgcca	gctgcattaa	2460
tgaatcggcc	aacgcgcggg	gagaggcggt	ttgcgtattg	ggcgctcttc	cgcttcctcg	2520
ctcactgact	cgctgcgctc	ggtcgttcgg	ctgcggcgag	cggtatcagc	tcactcaaag	2580
gcggtaatat	ggttatccac	agaatcaggg	gataacgcag	gaaagaacat	gtgagcaaaa	2640
ggccagcaaa	aggccaggaa	ccgtaaaaag	gccgcgttgc	tggcgttttt	ccataggctc	2700
cgcccccttg	acgagcatca	caaaaatcga	cgctcaagtc	agaggtggcg	aaacccgaca	2760
ggactataaa	gataccaggc	gtttccccct	ggaagctccc	tcgtgcgctc	tcctgttccg	2820
accctgccgc	ttaccggata	cctgtccgcc	tttctccctt	cgggaagcgt	ggcgctttct	2880
catagctcac	gctgtaggta	tctcagttcg	gtgtaggctcg	ttcgctccaa	gctgggctgt	2940
gtgcacgaac	ccccggttca	gcccagccgc	tgcgccttat	ccggtaacta	tcgtcttgag	3000
tccaacccgg	taagacacga	cttatcgcca	ctggcagcag	ccactggtaa	caggattagc	3060
agagcgaggt	atgtaggcgg	tgctacagag	ttcttgaaat	ggtggcctaa	ctacggctac	3120
actagaagga	cagtatttgg	tatctgcgct	ctgctgaagc	cagttacctt	cggaaaaaga	3180

69

```

gttggtagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc 3240
aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga totcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300
gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca cgtaagggga ttttgggtcat gagattatca 3360
aaaaggatct tcacctagat ctttttaaat taaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 3420
atatatgagt aaacttggtc tgacagttac caatgcttaa tcagtgagggc acctatctca 3480
gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540
atacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600
ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggg 3660
cctgcaactt tatccgcctc catccagttc attaatgtt gtcgggaagc tagagtaagt 3720
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacggt gttgccattg ctacaggcat cgtgggtgtca 3780
cgctcgtcgt ttgggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca 3840
tgatcccca tggttgcaaa aaaagcgggt agtccttcg gtccctccgat cgttgtcaga 3900
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact 3960
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga 4020
gaatagtgtg tgccgacgac gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg 4080
ccacatagca gaactttaaa agtgctcatc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc 4140
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac ccactcgtgc acccaactga 4200
tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat 4260
gccgcaaaaa aggggaataa ggcgacacgg aaatgttgaa tactcatact cttccttttt 4320
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt 4380
atthagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac 4440
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcggtat cacgaggccc 4500
tttcgtc 4507

```

<210> 56

<211> 17752

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (11543)..(12415)

<223> Delta-6-Elongase

<220>

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<223> Delta-6-Desaturase

<220>

<221> CDS

<222> (15791)..(17200)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 56

```

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca cagggtgcga ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120
tagtggggcg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccccg cagcaccggc 180
ataatcaggg cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttggggt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420

```


gcgtagacgg	tctgacgaca	cgcaaactgg	cggaacgggt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcggggcg	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgcccg	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcattccatg	660
ccggcacgcg	accggggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgacgctt	cgcttcctct	720
gcgagggcgg	tttttcggcc	ggggacgccc	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctggtggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgcgggcgca	840
ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgcagcgctc	gagcaggggac	tcgcggtgat	tgctgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgtaggaac	gttgaaggac	cgagaaagg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccgc	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcgcccttc	tgccgctctt	ccgcttctct	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctcgttc	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	1260
ggcggtaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgctg	ctggcgcttt	tccataggct	1380
ccgccccct	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagagggtgc	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataccagg	cgtttccccc	tggaaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gaccctgccg	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tgccgctttt	1560
ccgctgcata	acctgtcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcggtatat	ccatcctttt	1620
tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaagg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccaccgcg	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgcacctg	gcggtgctca	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
ctaccgccgg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaaccaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
agggcgccgg	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgctcgg	cagggctaca	1980
aaatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tcgcgagct	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tggggccgct	gggcccctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgaccgcgcg	acggcgcggt	2100
tcggtgatgc	cacgatectc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggtcat	gatgggcgtg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgcgt	gattgccaa	cacgtcccca	tgccgtccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgctcacc	gggctgggtg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgccgtcga	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgccggc	gttggtggata	2460
cctcgccgaa	aacttggccc	tactgacag	atgaggggcg	gacgttgaca	cttgaggggg	2520
cgactcacc	ggcgccggct	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cgccgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgcctgattt	tacgcgagtt	tcccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcctt	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggag	agtgcgtgac	gatgaggggg	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaagggttt	2820
ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatattat	2880
aaacctgttt	tttaaccagg	gctgcgccct	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaacct	tcccggcccc	ctaaccgcgg	cctcccatcc	ccccaggggg	3000
tgcccccctc	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgcgtggc	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccggagaca	3120
ttgacgtgcc	gcagggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	ggtgccgggg	agtgagggcg	3180
gcggcctggg	tgccggcctg	cccttcactt	cggccgtcgg	ggcattcacg	gacttcatgg	3240
cggggccggc	aatttttacc	ttgggcattc	ttggcatagt	ggtcgccggg	gccgtgctcg	3300
tggtcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atttgagggtg	ataggtaaga	ttataccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgcccttgat	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgtatgtaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaa	cataaaaact	3600
tgcatggact	aatgcttgaa	accagggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660

attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgtcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccaggt	3780
gctgcctcag	attcagggtta	tgccgctcaa	ttcgtgcgt	atatcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcataca	gcggccagcc	atccgtcatc	catatcacca	3900
cgtcaaaggg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagtg	cgttcaccga	3960
atacgtgcgc	aacaaccgtc	ttccggagac	tgctatacgc	gtaaaacagc	cagcgctggc	4020
gcgatttagc	cccgcacatag	ccccactgtt	cgtccatttc	cgcgcagacg	atgacgtcac	4080
tgccccggctg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcggcctgag	ttttttaagt	gacgtaaaat	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tgttgcccg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	atcttctggt	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgctgatgt	ccggcgggtg	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggtttcaaa	atcgggtccg	tcgatactat	gttatacgcc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctggt	ttctggtatt	taaggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggagttcgt	4560
cttgtttataa	ttagcttctt	ggggtatctt	taaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcaccggaa	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cggaaaggaat	gtctcctgct	aaggatatata	agctgggtgg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaggga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaaggt	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtggag	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgtccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggattactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gagctgtatg	atctttttaa	gacggaaaaa	5160
cccgaagagg	aacttgtctt	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaaa	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcagggcgga	caagtggtat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctattttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattgggaga	aaataaaata	ttatatttta	5400
ctggatgaat	tgtttttagt	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcacga	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggccacag	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctgggtat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	ccgacttcat	tgccgataag	gtggattatc	tggacaccaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaata	aggaataagg	gcacattgcc	ccggcgtgag	tcggggcaat	5700
cccgaagga	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
cgacgcgggg	ttttccgcgc	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccc	tcatgcgtgc	5820
gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcggctc	gatggctccg	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcgcccg	ccgtggagcg	5940
ttcgcgtcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcgaa	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacaggctcag	6060
cgaggccaag	caggccgcgt	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
ttccttgttc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgccaa	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccc	cgcgaggcgc	tgcaaaacaa	6240
ggtcattttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgtcg	agctgcgggc	6300
cgacgatgac	gaactgggtg	ggcagcaggt	gttggagtac	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggg	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	ggtgtcgcgt	ctgcaccgct	tcgcgcctct	6540
ggaccgtggc	aagaaaaacg	cccgttgcca	ggtcctgatc	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atggggagaag	taccgcaagc	tgctgcccgac	6660
ggccccagcg	atgttcgact	atctcagctc	gcaccgggag	ccgtacccgc	tcaagctgga	6720
aaccttccgc	ctcatgtgcg	gatcggattc	caccgcgcgt	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
cggcgaaagg	tgcaagaggt	tgcgaggcag	cggcctgggt	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctgggt	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtc	gttcgggctg	ggggttcagc	6900

agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gctcgacgca	cttgettctgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cgggcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggc	tcagattcga	cggcttggag	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tgttcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcgctc	gctgaacggt	tcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgccata	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcggctc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
ggggtcgccg	gtatgctgct	gcgggcgttg	cgggcgggtt	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctgggtggatg	cgcattctca	tcctcggcgc	acttaattatt	7440
tcgctattct	ggagcttggt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccggggcg	ggtcgcgggc	7500
acggtaggcg	ctgtgcagcc	gctgatggtc	gtgttcattc	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggg	cctgggggct	atttgcgga	ctgcgggcgt	ggcgctgttg	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	gtcggcgctc	cagcgggcct	ggcggggggc	7680
gtttccatgg	cgttcgggaac	cgtgctgacc	cgcaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcgggcggg	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagt	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttcgggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
acagtgtttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccgggggatg	7980
catcaggccg	acatgcggaa	ctcgggtcc	cgcacctgta	ccattcggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcgga	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcacccgtgt	ttcaaacccg	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	cccgtgacg	ccgtcccga	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgccgag	ctgccggctc	gggagctgtt	ggctggctgg	8460
tggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgcg	8520
gacgttttta	atgtactggg	gtgggttttc	ttttaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgcctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgccccca	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtgggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaaa	8700
agaatagccc	gagatagggt	tgagtgttgt	tccagtttgg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gcccactacg	8820
tgaaccatca	cccaaatcaa	gttttttggg	gtcgaggtgc	cgtaaagcac	taaatcgga	8880
ccctaaagg	agccccgat	ttagagcttg	acggggaaag	ccggcgaacg	tggcgagaaa	8940
ggaagggaag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
gatcgggtcg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	agggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttga	gaaatatagt	ttaaatattt	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctgggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaaagct	9360
agcttggtgc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcgggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcgcc	gccaagctct	9480
tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggtcggccac	acccagccgg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccattgg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaa	9660
agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgatc	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttggtggtc	gaatgggcag	9780
gtagccggat	caagcgtatg	cagccgcgcg	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccgcca	cttcgcccc	tagcagccag	9900
tcccttcccg	cttcagtgc	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaaacgcc	cgtcgtggcc	9960
agccacgata	gccgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggtcggtc	10020
ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
ccgattgtct	gttgtgcccc	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaagc	ggccggagaa	10140

cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gctcccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
agtggagcat	ttttgacaag	aaatatTTgc	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
acgcgcaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aacccgcggc	10380
tgagtggctc	cttcaacggt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtcccgc	10440
gtcatcggcg	ggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgate	ttgatccccct	10500
gcgccatcag	atccttggcg	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccaac	10560
cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgcccc	10620
gtctagctat	cgccatgtaa	gcccactgca	agctacctgc	tttctctttg	cgcttgcggt	10680
ttcccttgtc	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
actggctttc	tacgtgttcc	gcttccttta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgcgcca	10800
gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggctgcag	gcgcgcggag	ctcctcgagc	aaattttacac	10860
attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
tttgatttgc	gataaatttt	tatatTTgg	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagttga	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
aaatacatat	actaatcaac	tggaaatgta	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttggagatt	taattgttgc	aatgctgcat	11160
ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220
tttgaggtgc	atgaacgtca	cgtggacaaa	aggtttagta	atTTTTcaag	acaacaatgt	11280
taccacacac	aagttttgag	gtgcatgcat	ggatgccctg	tggaaagttt	aaaaatattt	11340
tggaaatgat	ttgcatggaa	gccatgtgta	aaacctgac	atccacttgg	aggatgcaat	11400
aatgaagaaa	actacaaatt	tacatgcaac	tagttatgca	tgtagtctat	ataatgagga	11460
ttttgcaata	ctttcattca	tacacactca	ctaagtttta	cacgattata	atttcttcat	11520
agccagccca	ccgcggtgga	aa atg gag gtc	gtg gag aga	ttc tac ggt	gag	11572
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu						
1 5 10						
ttg gat ggg aag gtc	tgc cag ggc	gtg aat gca	ttg ctg ggt	agt ttt		11620
Leu Asp Gly Lys Val	Ser Gln Gly Val	Asn Ala Leu	Leu Gly Ser	Phe		
15 20 25						
ggg gtg gag ttg acg	gat acg ccc	act acc aaa	ggc ttg ccc	ctc gtt		11668
Gly Val Glu Leu Thr	Asp Thr Pro	Thr Thr Lys	Gly Leu Pro	Leu Val		
30 35 40						
gac agt ccc aca ccc	atc gtc ctc	ggg gtt tct	gta tac ttg	act att		11716
Asp Ser Pro Thr Pro	Ile Val Leu	Gly Val Ser	Val Tyr Leu	Thr Ile		
45 50 55						
gtc att gga ggg ctt	ttg tgg ata	aag gcc agg	gat ctg aaa	ccg cgc		11764
Val Ile Gly Gly Leu	Leu Trp Ile	Lys Ala Arg	Asp Leu Lys	Pro Arg		
60 65 70						
gcc tgc gag cca ttt	ttg ctc caa	gct ttg gtg	ctt gtg cac	aac ctg		11812
Ala Ser Glu Pro Phe	Leu Leu Gln	Ala Leu Val	Leu Val His	Asn Leu		
75 80 85 90						
ttc tgt ttt gcg ctc	agt ctg tat	atg tgc gtg	ggc atc gct	tat cag		11860
Phe Cys Phe Ala Leu	Ser Leu Tyr	Met Cys Val	Gly Ile Ala	Tyr Gln		
95 100 105						
gct att acc tgg cgg	tac tct ctc	tgg ggc aat	gca tac aat	cct aaa		11908
Ala Ile Thr Trp Arg	Tyr Ser Leu	Trp Gly Asn	Ala Tyr Asn	Pro Lys		
110 115 120						
cat aaa gag atg gcg	att ctg gta	tac ttg ttc	tac atg tct	aag tac		11956
His Lys Glu Met Ala	Ile Leu Val	Tyr Leu Phe	Tyr Met Ser	Lys Tyr		
125 130 135						
gtg gaa ttc atg gat	acc gtt atc	atg ata ctg	aag cgc agc	acc agg		12004
Val Glu Phe Met Asp	Thr Val Ile	Met Ile Leu	Lys Arg Ser	Thr Arg		
140 145 150						
caa ata agc ttc ctc	cac gtt tat	cat cat tct	tca att tcc	ctc att		12052

74

Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile
 155 160 165 170
 tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct 12100
 Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser
 175 180 185
 gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
 Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
 190 195 200
 ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
 205 210 215
 ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
 220 225 230
 aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
 235 240 245 250
 caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
 255 260 265
 ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
 270 275 280
 aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctcctgcttt 12435
 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
 285 290
 aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495
 ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555
 tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615
 attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675
 ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tggactataa 12735
 tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795
 gattctaaat ttttttgtc ttctaaatac atatactaact caactggaaa tgtaaatatt 12855
 tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atgggtaccac aagggttgga 12915
 gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975
 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcataaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035
 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgagggtgcat gcatggatgc 13095
 cctgtggaaa gtttaaaaaat attttggaat tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca 13155
 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215
 tgcagttagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctcactaagt 13275
 tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330
 Met Val Phe Ala Gly Gly
 295
 gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378
 Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile
 300 305 310
 gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426
 Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr
 315 320 325
 gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474
 Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr
 330 335 340
 agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522
 Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala

75

345	350	355	360	
gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca				13570
Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala				
	365	370	375	
gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag				13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys				
	380	385	390	
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat				13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp				
	395	400	405	
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg				13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala				
	410	415	420	
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac				13762
Asp Glu His Pro Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp				
	425	430	435	440
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att				13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile				
	445	450	455	
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca				13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro				
	460	465	470	
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag				13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu				
	475	480	485	
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg				13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr				
	490	495	500	
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag				14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys				
	505	510	515	520
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc				14050
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe				
	525	530	535	
caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt				14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe				
	540	545	550	
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc				14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala				
	555	560	565	
gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat				14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His				
	570	575	580	
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa				14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu				
	585	590	595	600
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc				14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala				
	605	610	615	
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg				14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu				
	620	625	630	
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg				14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp				

76

635	640	645	
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg			14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu			
650	655	660	
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca			14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr			
665	670	675	680
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg			14530
Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val			
685	690	695	
act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc			14578
Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser			
700	705	710	
cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca			14626
His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala			
715	720	725	
cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg			14674
Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp			
730	735	740	
ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat ctt ttc cca aca			14722
Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr			
745	750	755	760
atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc			14770
Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe			
765	770	775	
tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc			14818
Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly			
780	785	790	
act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca			14866
Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala			
795	800	805	
gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat			14920
Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			
810	815		
gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa			14980
cctgagcatg ttagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc			15040
accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg attgtccgtc			15100
gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt ttgttttact			15160
atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tggtaactaaa tttataacac			15220
cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat			15280
tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaatatt tgctaataat			15340
tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggtttgga gatttaattg			15400
ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat			15460
ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt			15520
caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa			15580
gtttaaaaaat attttggaat tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac			15640
ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatgtagt			15700
ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt tttacacgat			15760
tataattttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt			15814
			Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu
		820	
cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata			15862
Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile			
825	830	835	

77

tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa	15910
Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu	
840 845 850 855	
gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc	15958
Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro	
860 865 870	
ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag	16006
Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln	
875 880 885	
tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg	16054
Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met	
890 895 900	
aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat	16102
Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp	
905 910 915	
acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga	16150
Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg	
920 925 930 935	
cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198
Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys	
940 945 950	
tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246
Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly	
955 960 965	
acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294
Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile	
970 975 980	
ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342
Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg	
985 990 995	
ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt	16387
Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly	
1000 1005 1010	
ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct	16432
Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala	
1015 1020 1025	
tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa	16477
Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu	
1030 1035 1040	
cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt	16522
Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg	
1045 1050 1055	
acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg	16567
Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu	
1060 1065 1070	
gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac	16612
Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp	
1075 1080 1085	
ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac	16657
Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn	
1090 1095 1100	
gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct	16702
Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala	
1105 1110 1115	

78

```

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc 16747
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser
1120 1125 1130
ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg 16792
Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met
1135 1140 1145
ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg 16837
Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser
1150 1155 1160
cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa 16882
His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys
1165 1170 1175
aag acg gga gaa cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act 16927
Lys Thr Gly Glu Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr
1180 1185 1190
tcc tgc act tac ggt gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt 16972
Ser Cys Thr Tyr Gly Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly
1195 1200 1205
ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc 17017
Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser
1210 1215 1220
gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc 17062
Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala
1225 1230 1235
aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac 17107
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn
1240 1245 1250
ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc 17152
Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala
1255 1260 1265
aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cgg gcg 17197
Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala
1270 1275 1280
taa agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgcttttaa tgagatatgc 17250
gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaaac 17310
tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggt cattctaata aatatatcac 17370
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 17430
cgagctcggc gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctccctcaac 17490
gttgcggttc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgctc cgcgtcatcg gcgggggtca 17550
taacgtgact cccttaattc tccgctcatg atcagattgt cgtttcccgc cttcagttta 17610
aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaacct aagagaaaag agcgtttatt 17670
agaataatcg gatattttaa agggcgtgaa aagggtttatc cttcgtccat ttgtatgtgc 17730
atgccaacca cagggttccc ca 17752

```

<210> 57

<211> 290

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*

<400> 57

```

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1          5          10          15

```

79

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
 20 25 30
 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
 35 40 45
 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
 50 55 60
 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80
 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
 85 90 95
 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
 100 105 110
 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125
 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140
 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160
 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175
 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190
 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205
 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220
 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270
 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285
 Thr Glu
 290

<210> 58

<211> 525

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*

<400> 58

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
 1 5 10 15
 Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
 20 25 30
 Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
 35 40 45
 Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
 50 55 60
 Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

80

65	70										75					80				
Thr	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Glu	Ser	Val	Val	Lys	Pro	Thr	Arg	Arg	Arg					
				85						90				95						
Ser	Ser	Gln	Trp	Lys	Lys	Ser	Thr	His	Pro	Leu	Ser	Glu	Val	Ala	Val					
			100					105												
His	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Cys	Trp	Ile	Val	Val	Lys	Asn	Lys	Val	Tyr					
		115					120					125								
Asp	Val	Ser	Asn	Phe	Ala	Asp	Glu	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Ser					
	130					135					140									
Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Asp	Val	Phe	Ser	Ser	Phe	His	Ala					
145					150					155					160					
Ala	Ser	Thr	Trp	Lys	Ile	Leu	Gln	Asp	Phe	Tyr	Ile	Gly	Asp	Val	Glu					
				165						170					175					
Arg	Val	Glu	Pro	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Lys	Asp	Phe	Arg	Glu	Met	Arg					
			180						185						190					
Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Leu	Tyr	Tyr					
		195					200					205								
Val	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala					
	210					215					220									
Ile	Ile	Cys	Trp	Ser	Lys	Thr	Ile	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Cys					
225					230					235					240					
Met	Met	Ala	Leu	Cys	Phe	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe					
				245					250					255						
Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly					
			260					265						270						
Tyr	Val	Ile	Gly	Asn	Ala	Val	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly	Trp	Trp	Lys					
		275					280					285								
Glu	Lys	His	Asn	Leu	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Glu	Cys	Asp	Gln	Thr					
	290					295					300									
Tyr	Gln	Pro	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr	Leu	Pro	Leu	Ile	Ala	Trp					
305					310					315					320					
Ser	Lys	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Val	Glu	Asn	Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Ile					
				325					330					335						
Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Leu	Phe	Phe	Met	Gly	Leu	Leu	Phe	Phe	Ala	Arg					
			340					345					350							
Gly	Ser	Trp	Leu	Phe	Trp	Ser	Trp	Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Ala	Val	Leu					
		355					360					365								
Ser	Pro	Val	Asp	Arg	Leu	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Val	Leu	Phe	His	Tyr					
		370				375					380									
Phe	Trp	Phe	Val	Gly	Thr	Ala	Cys	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gly	Trp	Lys	Pro					
385					390					395					400					
Leu	Val	Trp	Met	Ala	Val	Thr	Glu	Leu	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly					
				405					410					415						
Phe	Val	Phe	Val	Leu	Ser	His	Asn	Gly	Met	Glu	Val	Tyr	Asn	Ser	Ser					
			420					425												

81

500 505 510
 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 515 520 525
 <210> 59
 <211> 469
 <212> PRT
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*
 <400> 59
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1 5 10 15
 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
 20 25 30
 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
 35 40 45
 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
 50 55 60
 Gly Gly, Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80
 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
 85 90 95
 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
 100 105 110
 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
 115 120 125
 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
 130 135 140
 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
 145 150 155 160
 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
 165 170 175
 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
 180 185 190
 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
 195 200 205
 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
 210 215 220
 Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
 225 230 235 240
 His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
 245 250 255
 Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
 260 265 270
 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
 275 280 285
 Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
 290 295 300
 Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
 305 310 315 320
 Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
 325 330 335

82

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
 340 345 350
 Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
 355 360 365
 Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
 370 375 380
 Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
 385 390 395 400
 His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
 405 410 415
 Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
 420 425 430
 Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
 435 440 445
 Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
 450 455 460
 Leu Thr Gly Arg Ala
 465

<210> 60

<211> 26

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 60

gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

26

<210> 61

<211> 265

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 61

ccaccgcggt gggcgccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgcga 60
 gacgcctatg atcgcatgat atttgctttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120
 agcatgtgta gtcagatcc ttaccgccgg ttctcggttca ttotaatgaa tatatcacc 180
 gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgcag 240
 aattcgagct cggcgcgcca agctt 265

<210> 62

<211> 257

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 62

ggatccgata tcgggcccgc tagcgttaac cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60
 tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120
 tagctcagat ccttaccgcc gggttcggtt cattctaata aatatatcac ccgttactat 180

cgtatttttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240
ctcggcgcgc caagctt 257

<210> 63

<211> 5410

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 63

```

ttttggaaat gatttgcacg gaagccatgt gtaaaacccat gacatccact tggaggatgc      60
aataatgaag aaaactacaa atttaccatgc aactagttat gcatgtagtc tatataatga      120
ggatttttgca atactttcat tcatacacac tcactaagtt ttacacgatt ataattttctt      180
catagccagc ggatccgata tcggggccgc tagcgttaac cctgctttaa tgagatatgc      240
gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc      300
tgagcatgtg tagtcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaatt aatatatcac      360
ccgttactat cgtatttttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga      420
gcaaattttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat      480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatatt gtactaaatt tataacacct      540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta      600
tttttgcttt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatattc      660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattggt      720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg      780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cactgggaca aaagggttag taatttttca      840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt      900
ttaaaaaatat tttggaaatg atttgcacgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt      960
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct      1020
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta      1080
taattttctt atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat      1140
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctggt gtgcacgttg      1200
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaatta      1260
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt      1320
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatac tggatcatagc tgtttcctgt      1380
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa      1440
agcctggggt gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgccgcg      1500
tttccagtgc ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcgccaac gcgcggggag      1560
aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgcg ttctcgcgc actgactcgc tgcgctcggt      1620
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga      1680
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg      1740
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca      1800
aatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt      1860
tcccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgcacc ctgccgctta ccggatacct      1920
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct      1980
cagttcggtg taggtcggtt gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc      2040
cgaccgtgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtc aaccgggtaa gacacgactt      2100
atcgccactg gcagcagcca ctggttaacag gattagcaga gcgaggatg taggcggtg      2160
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat      2220
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa      2280
acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa      2340
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacggg tctgacgctc agtggaaacga      2400
aaactcacgt taagggattt tggatcatg attatcaaaa aggatcttca cctagatcct      2460
tttaaatata aatgaagtt ttaaatcaat cttaaagtata tatgagtaaa cttggtctga      2520

```

cagttaccaa	tgcttaatca	gtgaggcacc	tatctcagcg	atctgtctat	tctgttcac	2580
catagttgcc	tgactccccg	tctgttagat	aactacgata	cgaggaggct	taccatctgg	2640
ccccagtgt	gcaatgatac	cgcgagaccc	acgtccaccg	gctccagatt	tatcagcaat	2700
aaaccagcca	gccggaaggg	ccgagcgcag	aagtggctct	gcaactttat	ccgcctccat	2760
ccagtctatt	aattgttgcc	gggaagctag	agtaagtagt	tgcgcagtta	atagtttgcg	2820
caacgttggt	gccattgcta	caggcatcgt	ggtgtcacgc	tctgtctttg	gtatggcttc	2880
attcagctcc	ggttcccaac	gatcaaggcg	agttacatga	tccccatgt	tgtgcaaaaa	2940
agcgggttagc	tcttccgggc	ctccgatcgt	tgtcagaagt	aagttggccg	cagtgttatc	3000
actcatggtt	atggcagcac	tgcataattc	tcttactgtc	atgccatccg	taagatgctt	3060
ttctgtgact	ggtgagtact	caaccaagtc	attctgagaa	tagtgtatgc	ggcgaccgag	3120
ttgtcttgc	ccggcgtcaa	tacgggataa	taccgcgcca	catagcagaa	ctttaaaagt	3180
gtcatcatt	ggaaaacgtt	cttcggggcg	aaaactctca	aggatcttac	cgctgttgag	3240
atccagttcg	atgtaaccca	ctcgtgcacc	caactgatct	tcagcatctt	ttactttcac	3300
cagcgtttct	gggtgagcaa	aaacaggaag	gcaaaatgcc	gcaaaaaagg	gaataagggc	3360
gacacggaaa	tgttgaatac	tcatactctt	cctttttcaa	tattattgaa	gcatttatca	3420
gggttattgt	ctcatgagcg	gatacatatt	tgaatgtatt	tagaaaaata	aacaaatagg	3480
ggttccgcgc	acatttcccc	gaaaagtgcc	acctgacgtc	taagaaacca	ttattatcat	3540
gacattaacc	tataaaaaata	ggcgtatcac	gaggcccttt	cgtctcgcgc	gtttcgggtga	3600
tgacggtgaa	aacctctgac	acatgcagct	ccgggagacg	gtcacagctt	gtctgtaagc	3660
ggatgccggg	agcagacaag	cccgtcaggg	cggtcagcgc	ggtgttgccg	ggtgtcgggg	3720
ctggcttaac	tatgcggcat	cagagcagat	tgtactgaga	gtgcaccata	tgcgggtgtga	3780
aataccgcac	agatgcgtaa	ggagaaaata	ccgcatcagg	cgccattcgc	cattcaggct	3840
gcgcaactgt	tgggaagggc	gatcgggtgcg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	3900
agggggatgt	gctgcaaggc	gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	3960
ttgtaaaacg	acggccagtg	aattcggcgc	gccgagctcc	tcgagcaaat	ttacacattg	4020
ccactaaacg	tctaaaccct	tgtaatttgt	ttttgtttta	ctatgtgtgt	tatgtatttg	4080
atgtgcgata	aattttttata	tttgggtacta	aatttataac	accttttatg	ctaactgttg	4140
ccaacactta	gcaatttgca	agttgattaa	ttgattctaa	attatttttg	tcttctaaat	4200
acataatact	atcaactgga	aatgtaaata	tttgctaata	tttctactat	aggagaatta	4260
aagtgtgtga	atatggtacc	acaagggttg	gagatttaat	tgttgcaatg	ctgcatggat	4320
ggcatatata	ccaaacattc	aataattctt	gaggataata	atggtaccac	acaagatttg	4380
aggtgcatga	acgtcacgtg	gacaaaagg	ttagtaattt	ttcaagacaa	caatgtttacc	4440
acacacaagt	tttgaggtgc	atgcatggat	gccctgtgga	aagtttataa	atattttgga	4500
aatgatttgc	atggaagcca	tgtgtaaaac	catgacatcc	acttgaggga	tgcaataatg	4560
aagaaaacta	caaattttaca	tgcaactagt	tatgcatgta	gtctatataa	tgaggatttt	4620
gcaatacttt	cattcatata	cactcactaa	gttttacacg	attataattt	cttcatagcc	4680
agcccaccgc	ggtggggcgg	cgcctgcagt	ctagaaggcc	tcctgcttta	atgagatatg	4740
cgagacgcct	atgatcgcat	gatattttgt	ttcaattctg	ttgtgcacgt	tgtaaaaaac	4800
ctgagcatgt	gtagctcaga	tccttaccgc	cggtttcggg	tcatttctaat	gaatatatca	4860
cccgttacta	tctgtattttt	atgaataata	ttctccgttc	aattttactga	ttgtccgctc	4920
agcaaattta	cacattgcca	ctaaacgtct	aaacccttgt	aattttgtttt	tgttttacta	4980
tgtgtgttat	gtatttgatt	tgcgataaat	ttttatattt	ggtactaaat	ttataacacc	5040
ttttatgcta	acgttttgcca	acacttagca	atttgcaagt	tgattaattg	attctaaatt	5100
atttttgtct	tctaaataca	tataactaat	aactggaaat	gtaaatattt	gctaataattt	5160
ctactatagg	agaatttaaag	tgagtgaata	tgggtaccaca	aggtttggag	attttaattgt	5220
tgcaatgctg	catggatggc	atatacacca	aacattcaat	aattcttgag	gataataatg	5280
gtaccacaca	agatttgagg	tgcatgaacg	tcacgtggac	aaaaggttta	gtaatttttc	5340
aagacaacaa	tgttaccaca	cacaagtttt	gaggtgcatg	catggatgcc	ctgtggaaag	5400
tttaaaaaata						5410

<210> 64

<211> 12093

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 64

gatctggcgc	cggccagcga	gacgagcaag	attggccgcgc	gcccgaacgc	atccgacagc	60
gcgcccagca	caggtgcgca	ggcaaattgc	accaacgcac	acagcgccag	cagaatgccca	120
tagtgggccc	tgacgtcgtt	cgagtgaacc	agatcgcgca	ggaggcccgc	cagcaccggc	180
ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
atgttgggtt	tcacgtctgg	cctccggacc	agcctccgct	ggtccgattg	aacgcgcgga	300
ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtataaaa	gtgtcaagca	360
tgacaaagtt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgccgccct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
gcgtagacgg	tctgacgaca	cgaaaactgg	cggaacgggt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcggggcg	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgcccg	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcatccatg	660
ccggcacgcg	accgggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgagctt	cgcttcctct	720
gcgaggcggg	tttttcggcc	ggggacgcgc	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgcggcggca	840
ccgttgaaac	ggctccgctc	tcgcccgtgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgacagcttc	gagcagggac	tcgcggtgat	tgtcgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgtcaggaac	gttgaaggac	cgagaaaggg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caacccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccg	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cgccctctct	ggcgcccttc	tggcgctctt	ccgcttcctc	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctcgttc	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	1260
ggcggttaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
agggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgctt	ctggcgtttt	tccataggct	1380
ccgccccctt	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagaggtggc	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataccagg	cgtttccccc	tggaaagctc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gaccctgccc	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tggcgctttt	1560
ccgctgcata	accctgcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcggtatat	ccatcctttt	1620
tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaaggg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gccacccgc	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgacacct	gcggtgctca	acgggaatcc	tgtctgcgca	ggctggccgg	1800
ctaccgcccg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaccaaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
agggcgccgg	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgctcgg	cagggctaca	1980
aaatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tcgcgagct	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tggggccgct	ggcgggcctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgacccgcgc	acggcgcggt	2100
tcggtgatgc	cacgatcctc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggatcat	gatgggcgtg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgcgt	gattgccaag	cacgtcccca	tgcgctccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgctcacc	gggctggttg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgccgtcga	agcgtgtgct	gagacaccgc	ggccgccggc	gttgtggata	2460
cctcgcgga	aacttggccc	tactgacag	atgaggggcy	gacggtgaca	cttgaggggc	2520
cgactcacc	ggcgcgccgt	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgctgatttt	tacgcgagtt	tcccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcctt	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggcag	agtgtgaca	gatgaggggc	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaaggggtt	2820
ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatttat	2880
aaaccttgtt	tttaaccagg	gctgcgcctt	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaacct	tcccggcccg	ctaacgcggg	cctcccatcc	ccccaggggc	3000

tgccgcccctc	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgctggca	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccggaagca	3120
ttgacgtgcc	gcaggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	gggtgccgggc	agtgagggcg	3180
gcggcctggg	tggcggcctg	cccttcactt	cggcgctcgg	ggcattcacg	gacttcatgg	3240
cggggccggc	aatttttacc	ttgggcatte	ttggcatagt	ggtcgcgggt	gccgtgctcg	3300
tgttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atcttgagggtg	ataggtaaga	ttataccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgccttgaat	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgtatgtaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaaag	cataaaaaact	3600
tgcatggact	aatgcttgaa	accagggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgtcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccagggt	3780
gctgcctcag	attcagggtta	tgcgcgtcaa	ttcgctgcgt	atctcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcataca	gcgccagacc	atccgctcatc	catatcacca	3900
cgtcaaaagg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagtg	cgttcaccga	3960
atacgtgcgc	aacaaccgtc	ttcgggagac	tgtcatacgc	gtaaaacagc	cagcgctggc	4020
gcgatttagc	cccgcacatg	ccccactgtt	cgtccatttc	cgcgagacg	atgacgtcac	4080
tgcccggctg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcggcctgag	ttttttaagt	gacgtaaaat	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tgttgcccgg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	atcttctggg	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgtgatgt	ccggcggtgc	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggttttcaa	atcggctccg	tcgatactat	gttatacgc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctgtt	ttctgggtatt	taagggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggagttcgt	4560
cttgtttata	ttagcttctt	gggggtatctt	taaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcaccggaa	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cgggaaggat	gtctcctgct	aagggtatata	agctggtggg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaagga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaagggt	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtggag	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgtccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggattactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gagctgtatg	atctttttaa	gacggaaaag	5160
cccgaagagg	aacttgtctt	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaaaag	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcagggcgga	caagtgggtat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctattttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattggggaga	aaataaaata	ttatatattta	5400
ctggatgaat	tgttttagta	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcacat	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggcccacg	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctgggtat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	cggacttcat	tgccgataag	gtggattatc	tggacaccaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaata	aggaataagg	gcacattgcc	ccggcgtagg	tcggggcaat	5700
cccgcgaagg	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
cgacgcgggg	ttttccgcgc	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccg	tcatgcgtgc	5820
gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcggctc	gatgggtccg	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgcagac	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcgggccg	ccgtggagcg	5940
ttcgcgtcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcgaag	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacagggtcag	6060
cgaggccaag	caggccgcgt	tgtgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
ttccttgttc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgcca	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccg	cgcgaggcgc	tgcaaaaacaa	6240

ggtcatttttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgctcg	agctgcgggc	6300
cgacgatgac	gaactggtgt	ggcagcaggt	gttggagtag	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggt	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	ggtgtcgctg	ctgcaccgct	tccgcgtcct	6540
ggaccgtggc	aagaaaacgt	cccgttgcca	ggtcctgatc	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atgggagaag	taccgcaagc	tgtcgcgcac	6660
ggcccagacg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtacccgc	tcaagctgga	6720
aaccttccgc	ctcatgtgcg	gatcggattc	caccgcgctg	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
cggcgaagcc	tgcgaagagt	tgcgaggcag	cggcctggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctggtg	cattgcaaac	gctagggcct	tgtggggctca	gttccggctg	gggggttcagc	6900
agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gctcgacgca	cttgcttcgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cggcgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggc	tcagattcga	cggcttgagg	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tgttcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcgctt	gctgaacggt	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgcctaca	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcggctc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
ggggctgcgc	gtatgctgct	gcgggcggtt	ccggcgggtt	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctggtggatg	cgcatcttca	tcctcggcgc	acttaataatt	7440
tcgctattct	ggagcttggt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccggggcg	ggtcggggcg	7500
acggtagggc	ctgtgcagcc	gctgatggtc	gtgttcactc	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggt	cctgggggct	atttgcggaa	ctgcgggcgt	ggcgtggtt	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	ctcggcgctc	cagcgggcct	ggcggggggc	7680
gtttccatgg	cgttcggaac	cgtgctgacc	gcgaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcggccgga	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagtg	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttccggg	ggatctcgcg	actogaacct	7920
acagttgttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcगतca	gccgggggatg	7980
catcaggccg	acagtccgaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcgggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcgga	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcatccgtgt	ttcaaaccgc	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgcgcctta	caacggctct	cccgtcgacg	ccgtcccggg	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtggtgatt	ttgtgccgag	ctgccggctc	gggagctggt	ggctgggctgg	8460
tggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgcg	8520
gacgttttta	atgtactggg	gtggtttttc	ttttcaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgcctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgcccc	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtgggtc	cgaatccggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
agaatagccc	gagatagggg	tgagtgttgt	tccagtgttg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gcccactacg	8820
tgaaccatca	cccaaatcaa	gttttttggg	gtcagaggtg	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
ccctaaaggg	agcccccgat	ttagagcttg	acggggaaag	ccggcgaaac	tggcgagaaa	8940
ggaaggggaag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
gatcgggtgc	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	aggggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaataatt	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctgggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaagct	9360
agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcgggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcgc	gccaagctct	9480

88

tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggtccgccac	accagccgg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcgcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaaac	9660
agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgatc	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttgggtggc	gaatgggcag	9780
gtagccggat	caagcgtatg	cagccgccc	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgcccac	tagcagccag	9900
tcccttcccc	cttcagtgac	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaacgcc	cgctcgtggc	9960
agccacgata	gccgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggctcggc	10020
ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
ccgattgtct	gttgtgcccc	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaagc	ggccggagaa	10140
cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gctcccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
agtggagcat	ttttgacaag	aaatatattg	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
acgcgcgaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aaccgcggc	10380
tgagtggctc	cttcaacgtt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtcccgc	10440
gtcatcggcg	ggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgac	ttgatccct	10500
gcgccatcag	atccttgggc	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccaac	10560
cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgcct	gctgtccata	aaaccgcca	10620
gtctagctat	cgccatgtaa	gcccactgca	agctacctgc	tttctctttg	cgcttgcgtt	10680
ttcccttgct	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
actggctttc	tacgtgttcc	gcttccttta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgcggca	10800
gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggctcgac	gcgcgcggag	ctcctcgagc	aaattttacac	10860
attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
tttgatttgc	gataaatttt	tatatgtgtg	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagtgtg	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
aaatacatat	actaatcaac	tggaatgtg	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttgagagatt	taattgttgc	aatgctgcat	11160
ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220
tttgaggtgc	atgaacgtca	cgtggacaaa	agggttagta	atttttcaag	acaacaatgt	11280
taccacacac	aagttttgag	gtgcatgcat	ggatgccctg	tggaagttt	aaaaatattt	11340
tggaatgat	ttgcatggaa	gccatgtgta	aaaccatgac	atccacttgg	aggatgcaat	11400
aatgaagaaa	actacaaatt	tacatgcaac	tagttatgca	tgtagtctat	ataatgagga	11460
ttttgcaata	ctttcattca	tacacactca	ctaagtttta	cacgattata	atttcttcat	11520
agccagccca	ccgcggtggg	cgccgcctg	cagtctagaa	ggcctcctgc	tttaatgaga	11580
tatgcgagac	gcctatgac	gcatgatatt	tgctttcaat	tctgttgtgc	acgttgtaaa	11640
aaacctgagc	atgtgtagct	cagatcctta	ccgcgggttt	cggttcattc	taatgaatat	11700
atcaccgcgt	actatcgat	ttttatgaat	aatattctcc	gttcaattta	ctgattgtcc	11760
gtcgacgaat	tcgagctcgg	cgccctcta	gaggatcgat	gaattcagat	cggctgagtg	11820
gctccttcaa	cgttgcggtt	ctgtcagttc	caaacgtaaa	acggcttgct	ccgcgtcatc	11880
ggcggggggt	ataacgtgac	tcccttaatt	ctccgctcat	gatcagattg	tcgtttcccc	11940
ccttcagttt	aaactatcag	tgtttgacag	gatatattgg	cgggtaaacc	taagagaaaa	12000
gagcgtttat	tagaataatc	ggatatttaa	aaggcgctga	aaaggtttat	ccttcgtcca	12060
tttgtatgtg	catgcccaacc	acagggttcc	cca			12093

<210> 65

<211> 12085

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<221> misc_feature

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer Promotor-Terminator-Expr

essionskassette

<400> 65

gatctggcgc	cggccagcga	gacgagcaag	attggccgcc	gcccgaacg	atccgacagc	60
gcgcccagca	caggtgcgca	ggcaaattgc	accaacgcat	acagcgccag	cagaatgcc	120
tagtgggcgg	tgacgtcgtt	cgagtgaacc	agatcgcgca	ggaggcccg	cagcaccggc	180
ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
atgttgggtt	tcacgtctgg	cctccggacc	agcctccgct	ggtccgattg	aacgcgcgga	300
ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtgataaa	gtgtcaagca	360
tgacaaagtt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgccgccct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
gcgtagacgg	tctgacgaca	cgcaaactgg	cggaacggtt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcgggcgc	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgcccg	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcatccatg	660
ccggcacgcg	accggggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgacgctt	cgcttcctct	720
gcgaggcggg	tttttcggcc	ggggacgccc	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgccggcgga	840
ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgacgcgttc	gagcagggac	tcgcggtgat	tgctgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgctaggaac	gttgaaggac	cgagaaaggg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccgc	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcggccctc	tgccgctctt	ccgcttcctc	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctcgttc	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaa	1260
ggcggttaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcggtt	ctggcggttt	tccataggct	1380
ccgccccctt	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagagggtgg	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataccagg	cgtttccccc	tggaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gacctgtccg	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tgccgctttt	1560
ccgctgcata	acctgtcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcggtatat	ccatcccttt	1620
tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaaggg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccacccgc	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgcacctg	gcggtgctca	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
ctaccgccgg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaaccaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
aggcggcgcc	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgctcgg	cagggctaca	1980
aatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tcgcgagct	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tgggcgcct	ggcggcgctg	ctgaaactct	ggctcaccca	cgacccgcgc	acggcgcggt	2100
tcggtgatgc	cacgatcctc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggatcat	gatgggcgtg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgcgt	gattgccaa	cacgtcccca	tgcgctccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgtcacc	gggctggttg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgccgtcga	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgcccgc	gttgtggata	2460
cctcgccgaa	aacttgccc	tcactgacag	atgagggggc	gacgttgaca	cttgaggggc	2520
cgactcacc	ggcgcgcgct	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgcctgattt	tacgcgagtt	tcccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcct	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgagggggcag	agtgcgtgaca	gatgaggggc	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaaggggtt	2820
ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatattat	2880
aaaccttggt	tttaaccagg	gctgcgccct	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaaccc	tcccggcccc	ctaacgcggg	cctcccatcc	ccccaggggc	3000

tgccgcccctc	ggccgcgaac	ggcctcaccc	caaaaatggc	agcgtggca	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccgggaagca	3120
ttgacgtgcc	gcaggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	ggcgccgggc	agtgaaggcg	3180
gccgcctggg	tgccggcctg	cccttcactt	cgcccgctcg	ggcattcacg	gacttcattg	3240
cggggcccggc	aattttttacc	ttgggcatte	ttggcatagt	ggcgcggggt	gccgtgctcg	3300
tggttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaaac	atgtgaggtg	ataggttaaga	ttataccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgcttgaat	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgatgtgaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaag	cataaaaact	3600
tgcatggact	aatgcttgaa	accaggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgctcatggc	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cggtccaggt	3780
gctgcctcag	attcagggtta	tgccgctcaa	ttcgctgcgt	atatcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcatata	gcccgcagcc	atccgtcatc	catatcacca	3900
cgtcaaaggg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagtg	cgttcaccca	3960
atacgtgcgc	aacaaccgtc	ttccggagac	tgctcatcgc	gtaaaacagc	cagcgctggc	4020
gcgatttagc	cccgcacatg	cccactgtt	cgctcatttc	cgcgagacg	atgacgtcac	4080
tgcccggtcg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcccctgag	ttttttaagt	gacgtaaaat	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tggtgcccgg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	atttttctgg	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgctgatgt	ccggcggtgc	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggttttcaa	atcggtccg	tcgatactat	gttatagccc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctgtt	ttctgggtatt	taagggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggaagtctg	4560
cttggtataa	ttagcttctt	gggggtatctt	ttaaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcaccggaa	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cggaagggaat	gtctcctgct	aaggatatata	agctgggtggg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaggga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaagggt	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtggag	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgctccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggattactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gagctgtatg	atgttttttaa	gacggaaaag	5160
cccgaagagg	aacttgctct	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaag	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcagggcgga	caagtgggat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctattttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattggggaga	aaataaaata	ttatatattta	5400
ctggatgaat	tgtttttagta	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcacat	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggccacg	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctggtat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	ccgacttcat	tgccgataag	gtggattatc	tggacaccaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaata	aggaataagg	gcacattgcc	ccggcgtag	tcggggcaat	5700
cccgaaggga	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccgggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
cgacgcgggg	ttttccgccc	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccg	tcatgcgtgc	5820
gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcggctc	gatgggtccg	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcgggcg	ccgtggagcg	5940
ttcgctgctg	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcggaag	tcgatgacca	tcgacacggc	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacaggtcag	6060
cgaggccaag	caggccgcgt	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aatgcagct	6120
ttccttgctt	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgccaa	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccg	cgcgaggcgc	tgcaaaaacaa	6240

ggtcattttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatacactac	accggcgctcg	agctgcgggc	6300
cgacgatgac	gaactggtgt	ggcagcaggt	gttggagtac	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggt	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	gggtgcgctg	ctgcaccgct	tccgcgtcct	6540
ggaccgtggc	aagaaaacgt	cccgttgcca	ggctctgac	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaatattcat	atgggagaag	taccgcaagc	tgctgcggac	6660
ggcccgcagg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtacccgc	tcaagctgga	6720
aaccttcgcg	ctcatgtgcg	gatacggattc	caccgcgctg	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
cggcgaagcc	tgcaagaggt	tgcgaggcag	cggcctggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctgggt	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtca	gttcgggctg	gggggttcagc	6900
agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gtcgcagcga	cttgcttcgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cggcgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggc	tcagattcga	cggcttgagg	cggccgcagc	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tggtcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcgttc	gctgaacggg	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgcctaca	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcgggtc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
ggggctgcgc	gtatgctgct	gcgggcgttg	ccggcggttg	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctggtggatg	cgcatcttca	tcctcggcgc	acttaatat	7440
tcgctattct	ggagcttggt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccgggagg	ggctgcggcg	7500
acggtagggc	ctgtgcagcc	gctgatgggt	gtgttcactc	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggt	cctgggggct	atttgcggaa	ctgcgggctg	ggcgtggtg	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	ctcggcgctc	cagcgggcct	ggcgggggag	7680
gtttccatgg	cgttcggaa	cgtgctgacc	gcgaagtggc	aacctcccg	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcgcccgga	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagt	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatccggg	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttccggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
acagttggtt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccggggatg	7980
catcaggccg	acagtcggaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcgggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtaaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttccctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cgggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcgga	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcacccgtgt	ttcaaacccg	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	cccgtgacg	ccgtcccggg	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgccgag	ctgcgggtcg	gggagctggt	ggctgggctg	8460
tggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgctg	8520
gacgttttta	atgtactggg	gtggtttttc	ttttcaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgcttgcccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgccccca	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atggtgggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
agaatagccc	gagatagggg	tgagtgttgt	tccagtttgg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gccactacg	8820
tgaaccatca	cccaaatcaa	gttttttggg	gtcgagggtg	cgtaaagcac	taaatcgga	8880
ccctaaaggg	agcccccgat	ttagagcttg	acggggaaag	ccggcgaaac	tgccgagaaa	8940
ggaaggggag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
gatcgggtcg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	agggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaatat	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaat	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatata	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgctcgaagct	9360
agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcggggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcggc	gccaagctct	9480

tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggtcgccac	acccagccgg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaac	9660
agttcggtcg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgatc	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttgggtggc	gaatgggcag	9780
gtagccggat	caagcgtatg	cagccgccc	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgcccaa	tagcagccag	9900
tcccttcccc	cttcagtgac	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaaacgcc	cgtcgtggcc	9960
agccacgata	gcccgcgtgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggtcggtc	10020
ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
ccgattgtct	gttgtgcccc	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaaacg	ggccggagaa	10140
cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gctcccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
ttcggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataaccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
agtggagcat	ttttgacaag	aaatatttgc	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
acgcgcaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aacccgcggc	10380
tgagtggctc	cttcaacggt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtccccg	10440
gtcatcgggc	gggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgac	ttgatcccc	10500
gcgccatcag	atccttgggc	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttccccac	10560
cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgcccc	10620
gtctagctat	cgccatgtaa	gcccactgca	agtaacctgc	tttctctttg	cgcttgcggt	10680
ttcccttgct	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
actggctttc	tacgtgttcc	gcttccttta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgccgca	10800
gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggctcgacg	gcgcgcccag	ctcctcgagc	aaatttacac	10860
attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
tttgatttgc	gataaatttt	tatatttggt	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagttga	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
aaatacatat	actaatcaac	tggaaatgta	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttggagatt	taattgttgc	aatgctgcac	11160
ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220
tttgagggtc	atgaacgtca	cgtggacaaa	aggtttagta	atttttcaag	acaacaatgt	11280
taccacacac	aagttttgag	gtgcatgcat	ggatgccctg	tggaaagtgt	aaaaatattt	11340
tggaaatgat	ttgcatggaa	gccatgtgta	aaacatgac	atccacttgg	aggatgcaat	11400
aatgaagaaa	actacaaatt	tacatgcaac	tagttatgca	tgtagtctat	ataatgagga	11460
ttttgcaata	ctttcattca	tacacactca	ctaagtttta	cacgattata	atttcttcat	11520
agccagcgga	tccgatatacg	ggcccgcctg	cgttaaccct	gctttaatga	gatatgcgag	11580
acgcctatga	tcgcatgata	tttgctttca	attctgttgt	gcacgttgta	aaaaacctga	11640
gcattgttag	ctcagatcct	taccgcccgt	ttcggttcat	tctaataaat	atatcacccg	11700
ttactatcgt	atttttatga	ataatattct	ccgttcaatt	tactgattgt	ccgtcgacga	11760
attcgagctc	ggcgcgcctc	tagaggatcg	atgaattcag	atcggtgag	tggctccttc	11820
aacgttgccg	ttctgtcagt	tccaaacgta	aaacggcttg	tcccgcgtca	tcggcggggg	11880
tcataacgtg	actcccttaa	ttctccgctc	atgatcagat	tgctcgtttcc	cgccttcagt	11940
ttaaactatc	agtgtttgac	aggatatatt	ggcgggtaaa	cctaagagaa	aagagcgttt	12000
attagaataa	tcggatattt	aaaagggcgt	gaaaagggtt	atccttcgtc	catttgtatg	12060
tgcatgccaa	ccacagggtt	cccca				12085

<210> 66

<211> 12079

<212> DNA

<213> artificial sequence

<400> 66

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca	caggtgcgca	ggcaaattgc	accaacgcat	acagcgccag	cagaatgcc	120
tagtgggcgg	tgacgtcggt	cgagtgaacc	agatcgcgca	ggaggcccg	cagcaccggc	180
ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
atgttgggtt	tcacgtctgg	cctccggacc	agcctccgct	ggtccgattg	aacgcgcgga	300
ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtataaaa	gtgtcaagca	360
tgacaaaagt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgccgccct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
gcgtagacgg	tctgacgaca	cgaaaactgg	cggaacggtt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcggggcg	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgccc	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcattccatg	660
ccggcacgcg	accggggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgagcgtt	cgcttccctct	720
gcgagggcgg	tttttcggcc	ggggacgccc	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgcggcgcca	840
ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgcagcgctc	gagcagggac	tcgcggtgat	tgctcgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgctcaggaac	gttgaaggac	cgagaaaggg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgct	agacgcccgt	agcagcccg	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcgcccttc	tgccgctctt	ccgcttccctc	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctcgctc	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	1260
ggcggttaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgttg	ctggcgcttt	tccataggct	1380
ccgccccct	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagagggtggc	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataccagg	cgtttccccc	tggaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gacctgccc	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tgccgctttt	1560
ccgctgcata	acctgtcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcggtatat	ccatcctttt	1620
tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaaggg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccaccgc	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgcacctg	gcggtgctca	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
ctaccgccc	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaaccaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
agggcgccgg	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgtccgg	cagggctaca	1980
aaatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tcgcgcgact	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tgggccgcct	gggcggccctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgaccgcgc	acggcgcggt	2100
tcggtgatgc	cacgatccct	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggatcat	gatgggcgtg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgcgt	gattgccaag	cacgtcccca	tgccgtccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgctcacc	gggctggttg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgcgcgtcg	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgcgggc	gttgtggata	2460
cctcgccgaa	aacttgcccc	tcactgacag	atgagggcg	gacgttgaca	cttgaggggc	2520
cgactcacc	ggcgccgctg	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgctgattt	tacgcgagtt	tcccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcctt	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggcag	agtgtgaca	gatgaggggc	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaaggggtt	2820
ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatttat	2880
aaaccttggt	tttaaccagg	gctgcgccct	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaaacc	tcccggcccc	ctaaccgggg	cctcccatcc	ccccaggggc	3000
tgccccctc	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgtggca	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccgggaagca	3120
ttgacgtgcc	gcaggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	ggtgccgggc	agtgagggcg	3180
gcggccctgg	tgccggccctg	cccttcactt	cggccgtcgg	ggcattcacg	gacttcattg	3240
cggggccggc	aattttttacc	ttgggcattc	ttggcatagt	ggtcgcgggt	gccgtgctcg	3300

tggttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atttgaggtg	ataggtaaga	ttataccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgcttggaat	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgtatgtaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaag	cataaaaact	3600
tgcatggact	aatgcttgaa	acccaggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccaggt	3780
gctgctcag	attcaggtta	tgccgctcaa	ttcgctgcgt	atatcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcatata	gcggccagcc	atccgtcatc	catatcacca	3900
cgtcaaaggg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagt	cgttcaccga	3960
atacgtgcgc	aacaaccgtc	ttccggagac	tgctatacgc	gtaaaacagc	cagcgctggc	4020
gcgatttagc	cccgcataag	ccccactgtt	cgtccatttc	cgcgagacg	atgacgtcac	4080
tgcccggtg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcggcctgag	ttttttaagt	gacgtaaaat	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tggtgcccg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	attttctggt	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgctgatgt	ccggcggtgc	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggtttcaaa	atcggtctcg	tcgatactat	gttatacgcc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctgtt	ttctggtatt	taaggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggagttcgt	4560
cttgttataa	ttagcttctt	ggggatatct	taaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcaccggaa	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cggaaggaat	gtctcctgct	aaggtatata	agctggtggg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaggga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaaggt	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtgagg	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgtccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggttactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gagctgtatg	atttttttaa	gacggaaaag	5160
cccgaagagg	aacttgtctt	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaaa	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcagggcgga	caagtgggat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctattttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattgggaga	aaataaaata	ttatatttta	5400
ctggatgaat	tgtttttagt	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcatca	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggcccacg	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctggtat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	ccgacttcat	tgccgataag	gtggattatc	tggacaccaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaata	aggaataagg	gcacattgcc	ccggcgtgag	tcggggcaat	5700
cccgaagga	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
cgacgcgggg	ttttccgccc	aggatgccga	aacctatcga	agccgcaccg	tcattgcgtgc	5820
gccccgcgaa	acettccagt	ccgtcggctc	gatgggtccg	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcgggccg	ccgtggagcg	5940
ttcgctcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcgaa	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacaggtcag	6060
cgaggccaag	caggccgcgt	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
ttccttggtc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgccaa	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccc	cgcgaggcgc	tgcataacaa	6240
ggtcattttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgtcg	agctgcgggc	6300
cgacgatgac	gaactgggtg	ggcagcaggt	gttggagtac	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggt	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	ggtgtcgcgt	ctgcaccgct	tccgcgtcct	6540

ggaccgtggc	aagaaaacgt	cccgttgcca	ggctcctgac	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atgggagaag	taccgcaagc	tgctgcccgc	6660
ggcccgacgg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtaccgcg	tcaagctgga	6720
aaccttccgc	ctcatgtgcg	gacgggattc	caccgcgctg	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
cggcgaagcc	tgcgaagagt	tgcgaggcag	cggcctgggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctgggtg	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtca	gttccggctg	gggggttcagc	6900
agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gctcgacgca	cttgcttcgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cggcgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggg	tcagattcga	cggcttgagg	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tggtcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcgctc	gctgaacggt	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgccctaca	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcggctc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
ggggctgcgcg	gtatgctgct	gcgggcggtg	ccggcgggtt	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctgggtggatg	cgcatcttca	tcctcggcgc	acttaatat	7440
tcgctattct	ggagcttggt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccggggcg	ggctcgggcg	7500
acggtagggc	ctgtgcagcc	gctgatggtc	gtgttcattc	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggt	cctgggggct	atttgcggaa	ctgcggggcg	ggcgctgttg	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	gtcggcgctg	cagcggggcct	ggcggggggcg	7680
gtttccatgg	cgttcggaac	cgtgctgacc	cgcaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcggccgga	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagtg	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tgggtccggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
acagttgttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccgggggatg	7980
catcaggccg	acagtcggaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcgggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcggg	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcacccgtgt	ttcaaaccgg	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	cccgtgacg	ccgtcccggg	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgccgag	ctgccggctg	gggagctggt	ggctggctgg	8460
tggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgcg	8520
gacgttttta	atgtactggg	gtgggttttc	ttttcaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgcctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgcccc	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtgggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
agaatagccc	gagatagggg	tgagtgttgt	tccagtttgg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gccactacg	8820
tgaacatca	cccaaatcaa	gttttttggg	gtcgaggtgc	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
ccctaaaggg	agcccccgat	ttagagcttg	acggggaaag	ccggcgaacg	tggcgagaaa	8940
ggaagggaag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
gatcgggtcg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	agggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaatattt	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgctcgaagct	9360
agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcggggagcg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccatcgcc	gccaaagctct	9480
tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tctgatagc	ggtccgccac	accagccgg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcgccca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaa	9660
agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgate	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttgggtggc	gaatgggcag	9780

```

gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccc cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcccc gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtgcaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacggt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggccgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgte cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttct tacgtgttcc gcttccttta gcagccctg cgccctgagt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520
agccagcaga tctgccggca tcgatcccg gccatggcct gctttaatga gatatgcgag 11580
acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640
gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataat atatcaccg 11700
ttactatcgt atttttatga ataataattt cgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacggt 11820
gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg gtcacggcg ggggtcataa 11880
cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac agattgtcgt tccccgcctt cagtttaaac 11940
tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaa agaaaagagc gtttattaga 12000
ataatcggat attttaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060
ccaaccacag ggttcccca

```

<210> 67

<211> 13002

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 67

```

gatctggcg cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120
tagtggcgcg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccccg cagcaccggc 180

```

ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
atgttgggtt	tcacgtcttg	cctccggacc	agcctccgct	ggtccgattg	aacgcgcgga	300
ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtataaaa	gtgtcaagca	360
tgacaaagtt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgccgccct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
gcgtagacgg	tctgacgaca	cgaaaactgg	cggaaacggtt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcggggcg	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgccc	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcatccatg	660
ccggcacgcg	acggggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgacagctt	cgcttcctct	720
gcgagggcgg	tttttcggcc	ggggacgcgg	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgccggcgga	840
ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgcagcgctc	gagcaggggac	tcgcggtgat	tgctgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgctaggaac	ggtgaaggac	cgagaaagg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccgc	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcgcccttc	tgccgctctt	ccgcttctct	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctgctcg	gctgcggcga	gcgggtatcag	ctcactcaaa	1260
ggcggttaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcggtt	ctggcggtttt	tccataggct	1380
ccgccccct	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagaggtggc	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataccagg	cgtttccccc	tggaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gaccctgccg	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tgccgctttt	1560
ccgctgcata	acctgcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcgggtatat	ccatcctttt	1620
tcgcacgata	tacaggat	tgccaaagg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccaccgc	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgcacctg	gcgggtgctc	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
ctaccgccgg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaaccaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
agggcgccgg	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgctcgc	cagggctaca	1980
aatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tcgcgagct	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tgggccgcct	ggggcgccctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgaccgcgc	acggcgccgt	2100
tcggtgatgc	cacgatctc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggatcat	gatgggcgtg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgcgt	gattgccaag	cacgtcccca	tgcgctccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgctcacc	gggctgggtg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgccgtcga	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgcggcg	gttgtggata	2460
cctcgccgaa	aacttgccc	tactgacag	atgagggcg	gacgttgaca	cttgaggggc	2520
cgactcacc	ggcgccggct	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgcctgattt	tacgcgagtt	ttccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcctt	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggcag	agtgtgaca	gatgaggggc	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaaggggtt	2820
ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatattat	2880
aaaccttggt	tttaaccagg	gctgcgccct	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaacc	tcccgcccg	ctaacgcggg	cctcccatcc	cccagggggc	3000
tgcccccctc	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgtgggca	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccggaagca	3120
ttgacgtgcc	gcaggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	ggtgccgggc	agtgagggcg	3180
gcggcctggg	tgccggcctg	cccttactt	cggccgctcg	ggcattcacg	gacttcatgg	3240
cggggcccgc	aatttttacc	ttgggcatte	ttggcatagt	ggtcgcgggg	gccgtgctcg	3300
tggttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atttgagggtg	ataggtaaga	ttataccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420

ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgccttgaat	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgtatgtaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atggggcaaag	cataaaaact	3600
tgcattggact	aatgcttgaa	accaggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgtcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccaggt	3780
gctgcctcag	attcagggtta	tgccgctcaa	ttcgctgcgt	atatcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcataca	gcggccagcc	atccgtcate	catatcacca	3900
cgtcaaaggg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagt	cgttcaccga	3960
atacgtgcgc	aacaaccgtc	ttccggagac	tgtcatacgc	gtaaaacagc	cagcgctggc	4020
gcgatttagc	cccgacatag	ccccactgtt	cgtccatttc	cgcgagacg	atgacgtcac	4080
tgcccggctg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcggcctgag	ttttttaagt	gacgtaaaat	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tgttgcccg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	atcttctggt	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgctgatgt	ccggcggtgc	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggtttcaaa	atcggctccg	tcgatactat	gttatacgcc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctggt	ttctgggtatt	taagggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggtgttcgt	4560
cttggtataa	ttagcttctt	ggggtatctt	taaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcaccggaa	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cgggaaggat	gtctcctgct	aagggtatata	agctgggtggg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaggga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaaggt	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtggag	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgtccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggtattactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gactgttatg	atctttttaa	gacggaaaag	5160
cccgaagagg	aacttgtctt	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaaag	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcaggcgga	caagtgggtat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctatcttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattgggaga	aaataaaata	ttatatttta	5400
ctggatgaat	tgttttagta	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcacga	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggccacag	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctgggtat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	ccgacttcac	tgccgataag	gtggattatc	tggaacacaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaata	aggaataagg	gcacattgcc	ccggcgtag	tcggggcaat	5700
cccgaagga	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
cgacgcgggg	ttttccgccc	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccg	tcatgcgtgc	5820
gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcggctc	gatggtccag	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcgcccg	ccgtggagcg	5940
ttcgcgtcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttgccgaag	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacaggctcag	6060
cgaggccaag	caggccgcgt	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
ttccttgttc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgccaa	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccc	cgcgaggcgc	tgcaaaacaa	6240
ggctattttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgctc	agctgcgggc	6300
cgacagtgac	gaactgggtg	ggcagcaggt	gttgaggtac	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggg	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	ggtgtcgcgt	ctgcaccgct	tcgcgcctct	6540
ggaccgtggc	aagaaaaact	cccgttgcca	ggtcctgatc	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atgggagaag	taccgcaagc	tgtcgcggac	6660

ggcccgacgg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtacccgc	tcaagctgga	6720
aaccttccgc	ctcatgtgcg	gacgggattc	caccgcggtg	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
cggcgaagcc	tgcgaagagt	tgcgaggcag	cggcctgggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctgggtg	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtca	gttccggctg	ggggttcagc	6900
agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcggggcact	gctcgacgca	cttgcttcgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cggcgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggg	tcagattcga	cggcttggag	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tggtcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcggtc	gctgaacggt	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgccatac	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcggctc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
ggggctcgccg	gtatgctgct	gcggggcgtg	ccggcggggt	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctgggtggatg	cgcatcttca	tcctcgggcg	acttaatat	7440
tcgctattct	ggagcttgtt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccggggcg	ggctcgggcg	7500
acggtagggc	ctgtgcagcc	gctgatggtc	gtgttcatct	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggg	cctgggggct	atttgccgaa	ctgcggggcg	ggcgctgttg	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	gtcggcgctc	cagcggggcct	ggcggggggc	7680
gtttccatgg	cgttcggaac	cgtgctgacc	cgcaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcgggccga	ggactttctgc	tcgttccagt	agcttttagtg	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttccggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
acagttgttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccgggggatg	7980
catcaggccg	acagtcggaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcgggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcggg	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcacccgtgt	ttcaaaccgc	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	cccgtgacg	ccgtcccggg	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgccgag	ctgccggctg	gggagctgtt	ggctggctgg	8460
tgccaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgcg	8520
gacgttttta	atgtactggg	gtgggtttttc	ttttaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgcctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgcccc	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtgggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
agaatagccc	gagatagggg	tgagtgttgt	tccagtttgg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	caggggcgatg	gcccactacg	8820
tgaaccatca	cccaaataca	gttttttggg	gtcgagggtg	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
ccctaaaggg	agccccgat	ttagagcttg	acgggggaaag	ccggcgaaac	tgccgagaaa	8940
ggaagggaag	aaagcgaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tggaaggggc	9000
gatcgggtgc	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	agggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagtgt	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaaac	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaatatatt	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaat	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcatatatta	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaagct	9360
agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcgggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggctag	cccattcgcc	gccaaactct	9480
tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggctccggcc	accagccggg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaa	9660
agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catectgatc	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttggtgggtc	gaatgggcag	9780
gtagccggat	caagcgtatg	cagccgcgcg	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgcccaa	tagcagccag	9900

tcccttcccc	cttcagtgac	aacgtcgcgc	acagctgcgc	aaggaacgcc	cgctcgtggcc	9960
agccacgata	gccgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggtcggtc	10020
ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
ccgattgtct	gttggtgcca	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaagc	ggcgggagaa	10140
cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gtccccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
agtggagcat	ttttgacaag	aaatatttgc	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
acgcgcaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aaccgcgggc	10380
tgagtggctc	cttcaacggt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtcccgc	10440
gtcatcggcg	ggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgata	ttgatccccct	10500
gcgcatcag	atccttggcg	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccaac	10560
cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgcca	10620
gtctagctat	cgccatgtaa	gccactgca	agctacctgc	tttctctttg	cgcttgcggt	10680
ttcccttgtc	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
actggctttc	tacgtgttcc	gcttccttta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgccgca	10800
gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggtcgacg	gcgcgccgag	ctcctcgagc	aaattttacac	10860
attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
tttgatttgc	gataaatttt	tatatgttgt	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagttga	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
aaatacatat	actaatcaac	tggaatgtga	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttggagatt	taattgttgc	aatgctgcat	11160
ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220
tttgaggtgc	atgaacgtca	cgtggacaaa	aggtttagta	atttttcaag	acaacaatgt	11280
taccacacac	aagttttgag	gtgcatgcat	ggatgccctg	tggaagttt	aaaaatattt	11340
tggaaatgat	ttgcatggaa	gccatgtgta	aaaccatgac	atccacttgg	aggatgcaat	11400
aatgaagaaa	actacaaaatt	tacatgcaac	tagttatgca	tgtagtctat	ataatgagga	11460
ttttgcaata	ctttcattca	tacacactca	ctaagtttta	cacgattata	atttcttcat	11520
agccagccca	ccgcggtggg	cggccgcctg	cagctctagaa	ggcctcctgc	tttaatgaga	11580
tatgcgagac	gcctatgatc	gcatgatatt	tgctttcaat	tctgttgtgc	acgttgtaaa	11640
aaacctgagc	atgtgtagct	cagatcctta	ccgcggtttt	cggttcatte	taatgaatat	11700
atcacccggt	actatcgat	ttttatgaat	aatatttctc	gttcaattta	ctgattgtcc	11760
gtcgagcaaa	tttacacatt	gccactaaac	gtctaaaccc	ttgtaatttg	tttttggttt	11820
actatgtgtg	ttatgtattt	gatttgcgat	aaatttttat	atttggtaact	aaattttataa	11880
caccttttat	gctaacgttt	gccaacactt	agcaatttgc	aagttgatta	attgattcta	11940
aattattttt	gtcttctaaa	tacatatact	aatcaactgg	aaatgtaaat	atttgctaata	12000
atttctacta	taggagaatt	aaagtgagtg	aatatgggtac	cacaagggtt	ggagatttaa	12060
ttgttgcaat	gctgcatgga	tggtcatatac	accaaacatt	caataattct	tgaggataat	12120
aatggtacca	cacaagattt	gaggtgcatg	aacgtcacgt	ggacaaaagg	tttagtaatt	12180
tttcaagaca	acaatgttac	cacacacaag	ttttgaggtg	catgcatgga	tgccctgtgg	12240
aaagtttaaa	aatattttgg	aatgatattg	catggaagcc	atgtgtaaaa	ccatgacatc	12300
cacttggagg	atgcaataat	gaagaaaact	acaaattttac	atgcaactag	ttatgcatgt	12360
agtctatata	atgaggattt	tgcaataact	tcattcatac	acactcacta	agttttacac	12420
gattataatt	tcttcatagc	cagcggatcc	gatatacgggc	ccgctagcgt	taaccctgct	12480
ttaatgagat	atgcgagacg	cctatgatcg	catgatattt	gctttcaatt	ctgttggtgca	12540
cgttgtaaaa	aacctgagca	tgtgtagctc	agatccttac	cgccggtttc	ggttcattct	12600
aatgaatata	tcacccgtta	ctatcgtatt	tttatgaata	atattctccg	ttcaattttac	12660
tgattgtccg	tcgacgaatt	cgagctcggc	gcgcctctag	aggatcgatg	aattcagatc	12720
ggctgagtg	ctccttcaac	gttgcggttc	tgctcagttcc	aaacgtaaaa	cggcttggtcc	12780
cgcgtcatcg	gcgggggtca	taacgtgact	cccttaattc	tccgctcatg	atcagattgt	12840
cgtttccccg	cttcagttta	aactatcagt	gtttgacagg	atatattggc	gggtaaacct	12900
aagagaaaa	agcgtttatt	agaataatcg	gatattttaa	agggcgtgaa	aagggtttatc	12960
cttcgtccat	ttgtatgtgc	atgccaacca	caggttcccc	ca		13002

<210> 68

<211> 13905

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 68

gatctggcgc	cggccagcga	gacgagcaag	attggccgcc	gcccgaacg	atccgacagc	60
gcgcccagca	caggtgcgca	ggcaaattgc	accaacgcat	acagcgccag	cagaatgcc	120
tagtgggccc	tgacgtcggt	cgagtgaacc	agatcgcgca	ggaggcccgg	cagcaccggc	180
ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
atgttgggtt	tcacgtctgg	cctccggacc	agcctccgct	ggtcggattg	aacgcgcgga	300
ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtgataaa	gtgtcaagca	360
tgacaaagtt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgcgcgcct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
gcgtagacgg	tctgacgaca	cgaaaactgg	cggaaacggtt	gggggttcag	cagccggcgc	480
tttactggca	cttcaggaac	aagcggggcg	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
ggaatgcccg	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcattccatg	660
ccggcacgcg	accgggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgcgctt	cgcttctct	720
gcgaggcggg	tttttcggcc	ggggacgccc	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgccggcgga	840
ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
ccggtccgga	cgcagcgctc	gagcagggac	tcgcggtgat	tgctgatgga	ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt	tgtcaggaac	gttgaaggac	cgagaaaggg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccgc	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcggccttc	tggcgctctt	ccgcttctct	1200
gctcactgac	tcgctgcgct	cggctgctcg	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	1260
ggcggtaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgctg	ctggcgcttt	tccataggct	1380
ccgccccct	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagagggtgg	gaaacccgac	1440
aggactataa	agataaccagg	cgtttccccc	tggaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
gaccctgccg	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tggcgctttt	1560
ccgctgcata	accctgcttc	ggggctcatta	tagcgatttt	ttcgggtatat	ccatcctttt	1620
tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaaggg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccaccgcg	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
ctgtccctta	ttcgacacct	gcgggtgctca	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
ctaccgcccg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaacccaag	ccaaccagga	1860
agggcagccc	acctatcaag	gtgtactgcc	ttccagacga	acgaagagcg	attgaggaaa	1920
aggcggcggc	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgctcgg	cagggctaca	1980
aaatcacggg	cgctcgtggac	tatgagcacg	tccgcgagct	ggcccgcatc	aatggcgacc	2040
tgggcccgcct	gggcggcctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgacccgcgc	acggcgcggt	2100
tcgggtgatgc	cacgatcctc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
gcaaggatcat	gatgggcggt	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
aacggccggg	gggtgcgctg	gattgccaag	cacgtcccca	tgcgctccat	caagaagagc	2280
gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
gacgctcacc	gggctgggtg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
cgcgccagaa	acgccgtcga	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgcccgc	gttgtggata	2460
cctcgcgga	aacttggccc	tactgacag	atgaggggcg	gacgttgaca	cttgaggggc	2520

cgactcacc	ggcgcggcgt	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
gagctggcca	gcctcgcaaa	tccggcgaaaa	cgcctgattt	tacgcgagtt	tcccacagat	2640
gatgtggaca	agcctgggga	taagtgccct	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggag	agtgtgaca	gatgaggggc	2760
gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaagggttt	2820
ccgcccgttt	ttcggccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatttat	2880
aaaccttgtt	tttaaccagg	gctgcgcctt	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
tgccccccct	tctcgaaccc	tcccggcccc	ctaacgcggg	cctcccatcc	ccccaggggc	3000
tgcgccccct	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgctggca	gtccttgcca	3060
ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccgggaagca	3120
ttgacgtgcc	gcaggtgctg	gcacgcacat	tcagcgacca	ggtgcggggc	agtgagggcg	3180
gcggccctggg	tggcgccctg	cccttcactt	cggccgtcgg	ggcattcacg	gacttcatgg	3240
cggggccggc	aattttttacc	ttgggcattc	ttggcatagt	ggtcgcgggt	gccgtgctcg	3300
tggttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atttgagggtg	ataggtaaga	ttataaccgag	3360
gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgccctgaa	atattgacaa	3480
tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgatatgtaag	gatttcaggg	3540
ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaag	cataaaaact	3600
tgcatggact	aatgcttgaa	acccaggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatgtt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
tgtcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccaggt	3780
gctgcctcag	attcagggtta	tgccgctcaa	ttcgctgcgt	atatcgcttg	ctgattacgt	3840
gcagctttcc	cttcaggcgg	gattcataca	gcggccagcc	atccgtcatc	catatcacca	3900
cgtcaaagg	tgacagcagg	ctcataagac	gccccagcgt	cgccatagt	cggttcaccga	3960
atagctgcgc	aacaaccgtc	ttccggagac	tgatcatacg	gtaaaacagc	cagcgtggc	4020
gcgatttagc	cccgcacatg	cccactgtt	cgtccatttc	cgcgagacg	atgacgtcac	4080
tgcccggtg	tatgcgcgag	gttaccgact	gcggcctgag	ttttttaagt	gacgtaaaa	4140
cgtgttgagg	ccaacgcccc	taatgcgggc	tggtgcccgg	catccaacgc	cattcatggc	4200
catatcaatg	attttctggt	gcgtaccggg	ttgagaagcg	gtgtaagtga	actgcagttg	4260
ccatgtttta	cggcagtgag	agcagagata	gcgctgatgt	ccggcggtgc	ttttgccgtt	4320
acgcaccacc	ccgtcagtag	ctgaacagga	gggacagctg	atagacacag	aagccactgg	4380
agcacctcaa	aaacaccatc	atacactaaa	tcagtaagtt	ggcagcatca	cccataattg	4440
tggtttcaaa	atcggctccg	tcgatactat	gttatacgcc	aactttgaaa	acaactttga	4500
aaaagctgtt	ttctggtatt	taagggtttta	gaatgcaagg	aacagtgaat	tggagtccgt	4560
cttgttataa	ttagcttctt	ggggtatctt	taaatactgt	agaaaagagg	aaggaaataa	4620
taaatggcta	aaatgagaat	atcacccgga	ttgaaaaaac	tgatcgaaaa	ataccgctgc	4680
gtaaaagata	cgggaaggat	gtctcctgct	aaggatatata	agctggtggg	agaaaatgaa	4740
aacctatatt	taaaaatgac	ggacagccgg	tataaaggga	ccacctatga	tgtggaacgg	4800
gaaaaggaca	tgatgctatg	gctggaagga	aagctgcctg	ttccaaagg	cctgcacttt	4860
gaacggcatg	atggctggag	caatctgctc	atgagtgagg	ccgatggcgt	cctttgctcg	4920
gaagagtatg	aagatgaaca	aagccctgaa	aagattatcg	agctgtatgc	ggagtgcac	4980
aggctctttc	actccatcga	catatcggat	tgtccctata	cgaatagctt	agacagccgc	5040
ttagccgaat	tggattactt	actgaataac	gatctggccg	atgtggattg	cgaaaactgg	5100
gaagaagaca	ctccatttaa	agatccgcgc	gagctgtatg	atttttttaa	gacggaaaag	5160
cccgaagagg	aacttgtctt	ttcccacggc	gacctgggag	acagcaacat	ctttgtgaaa	5220
gatggcaaa	taagtggctt	tattgatctt	gggagaagcg	gcagggcgga	caagtgggat	5280
gacattgcct	tctgcgtccg	gtcgatcagg	gaggatatcg	gggaagaaca	gtatgtcgag	5340
ctattttttg	acttactggg	gatcaagcct	gattgggaga	aaataaaata	ttatatttta	5400
ctggatgaat	tgtttttagta	cctagatgtg	gcgcaacgat	gccggcgaca	agcaggagcg	5460
caccgacttc	ttccgcacat	agtgttttgg	ctctcaggcc	gaggccacg	gcaagtattt	5520
gggcaagggg	tcgctgggat	tcgtgcaggg	caagattcgg	aataccaagt	acgagaagga	5580
cggccagacg	gtctacggga	ccgacttcat	tgccgataag	gtggattatc	tggacaccaa	5640
ggcaccaggc	gggtcaaatc	aggaataaag	gcacattgcc	ccggcgtag	tcggggcaat	5700
cccgaaggga	gggtgaatga	atcggacggt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760

cgacgcgggg	ttttccgccg	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccg	tcatgcgtgc	5820
gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcggctc	gatgggtccag	caagctacgg	ccaagatcga	5880
gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgccccgcg	ccatcgggccc	ccgtggagcg	5940
ttcgcgctcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcggaag	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacagggtcag	6060
cgaggccaag	caggcccgct	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
ttccttggttc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcgatgccaa	acgacacggc	6180
ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccc	cgcgaggcgc	tgcaaaaacaa	6240
ggtcatttttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgctcg	agctgcggggc	6300
cgacgatgac	gaactgggtg	ggcagcagggt	gttggagtag	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
cgagccgatac	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggt	cgatcaatgg	6420
ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
cacgtccgac	cgcggtgggc	acctggaatc	ggtgtcgctg	ctgcaccgct	tccgcgtcct	6540
ggaccgtggc	aagaaaacgt	cccgttgcca	ggtcctgatc	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atggggagaag	taccgcaagc	tgctgcggac	6660
ggcccgacgg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtaccgcg	tcaagctgga	6720
aaccttccgc	ctcatgtgcg	gatcggattc	cacccgcgtg	aagaagtggc	gcgagcagggt	6780
cggcgaagcc	tgcaagaggt	tgcgaggcag	cggcctgggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
tgacctgggtg	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtca	gttccggctg	ggggttcagc	6900
agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gctcgacgca	cttgcttcgc	6960
tcagtatcgc	tcgggacgca	cgccgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
ttgacaattg	tgattaaggc	tcagattcga	cggcttgagag	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tgctcgggtc	cgtttacgag	7140
cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcgctt	ctggaacgggt	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
ggcgccctaca	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcgggtc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaaca	gcgaggccga	7320
ggggctcgccg	gtatgctgct	gcgggctgtg	ccggcggggtt	tattgctcgt	gatgatcgctc	7380
cgacagattc	caacgggaat	ctgggtggatg	cgcactcttca	tcctcggcgc	acttaatat	7440
tcgctattct	ggagcttggt	gtttattttcg	gtctaccgcc	tgccggggcgg	ggctcgcgcg	7500
acggtaggcg	ctgtgcagcc	gctgatgggtc	gtgttcactc	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
ccgatacgat	tgatggcggt	cctgggggct	atttgccgaa	ctgcgggctg	ggcgctgttg	7620
gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	gtcggcgctc	cagcgggctc	ggcgggggcg	7680
gtttccatgg	cgttcggaac	cgtgctgacc	cgcaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
acctttaccg	cctggcaact	ggcggccgga	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagtg	7800
tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttcgggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
acagttgttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccgggggatg	7980
catcaggccg	acagtcggaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcggtg	agcaatggat	8040
aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
cggttaagcg	agaaatgaat	agaaggctg	ataattcgga	tctctgcgag	ggagatgata	8220
tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcate	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
tcacccgtgt	ttcaaacccg	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	cccgtgacg	ccgtcccggg	ctgatgggct	8400
gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgccgag	ctgccggctc	gggagctggt	ggctggctgg	8460
tgggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgctg	8520
gacgtttttta	atgtactggg	gtggtttttc	ttttcaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
tgcccttcac	cgccctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgccccca	8640
gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
agaatagccc	gagatagggt	tgagtgttgt	tccagtttgg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gccactacg	8820
tgaaccatca	cccaaatcaa	gttttttggg	gtcgaggtgc	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
ccctaaaggg	agccccgat	ttagagcttg	acggggaaag	ccggcgaaag	tgggcagaaa	8940
ggaaggggaag	aaagcgaaag	gagcgggctc	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000

gatcgggtg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	aggggggatgt	gctgcaaggc	9060
gattaagttg	ggtaacgcc	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaataattt	attgataaaa	taacaagtca	9180
ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
tcaataactg	attatatcag	ctggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaagct	9360
agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
tcggggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcgcc	gccaagctct	9480
tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggtcgccac	acccagccgg	9540
ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
tcgccaatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaaac	9660
agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgatc	gacaagaccg	9720
gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttggtggtc	gaatgggcag	9780
gtagccggat	caagcgtatg	cagccgccgc	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgcccga	tagcagccag	9900
tccttcccg	cttcagtgac	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaacgcc	cgtcgtggcc	9960
agccacgata	gccgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggtcggtc	10020
ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
ccgattgtct	gttggtgcca	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccgaagc	ggccggagaa	10140
cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gctcccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
agtggagcat	ttttgacaag	aaatatattg	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
acgcgcaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aaccgcgggc	10380
tgagtggctc	cttcaacgtt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtccgc	10440
gtcatcggcg	ggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgatc	ttgatccctt	10500
gcgccatcag	atccttggcg	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccaac	10560
cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaatto	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgccc	10620
gtctagctat	cgccatgtaa	gcccactgca	agctacctgc	tttctctttg	cgcttgcggt	10680
ttcccttgct	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
actggctttc	tacgtgttcc	gcttccctta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgcggca	10800
gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggtcgacg	gcgcgcccag	ctcctcgagc	aaatttacac	10860
attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
tttgatttgc	gataaatttt	tatatattgt	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagttga	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
aaatacatat	actaatcaac	tggaatgtga	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttgagatt	taattgttgc	aatgctgcat	11160
ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220
tttgagggtgc	atgaacgtca	cgtggacaaa	aggtttagta	atttttcaag	acaacaatgt	11280
taccacacac	aagttttgag	gtgcatgcat	ggatgccctg	tggaagttt	aaaaatatatt	11340
tggaatgat	ttgcatggaa	gccatgtgta	aaaccatgac	atccacttgg	aggatgcaat	11400
aatgaagaaa	actacaaatt	tacatgcaac	tagttatgca	tgtagtctat	ataatgagga	11460
ttttgcaata	ctttcattca	tacacactca	ctaagtttta	cacgattata	atttcttcat	11520
agccagccca	ccgcggtggg	cggccgctg	cagtctagaa	ggcctcctgc	tttaatgaga	11580
tatgcgagac	gcctatgatc	gcatgatatt	tgctttcaat	tctgttgtgc	acgttgtaaa	11640
aaacctgagc	atgtgtagct	cagatcctta	ccgcgggttt	cggttcattc	taatgaatat	11700
atcacccgtt	actatcgtat	ttttatgaat	aatatttctc	gttcaattta	ctgattgtcc	11760
gtcgagcaaa	tttacacatt	gccactaaac	gtctaaaccc	ttgtaatttg	tttttgtttt	11820
actatgtgtg	ttatgtattt	gatttgcgat	aaatttttat	atttgggtact	aaattttataa	11880
caccttttat	gctaacgttt	gccaacactt	agcaatttgc	aagttgatta	attgattcta	11940
aattattttt	gtcttctaaa	tacatatact	aatcaactgg	aatgtaaaat	atttgctaata	12000
atttctacta	taggagaatt	aaagtgtgtg	aatatggtag	cacaagggtt	ggagatttaa	12060
ttgttgcaat	gctgcatgga	tgcatatata	accaaactt	caataattct	tgaggataat	12120
aatggtacca	cacaagattt	gaggtgcatg	aacgtcacgt	ggacaaaagg	tttagtaatt	12180
tttcaagaca	acaatgttac	cacacacaag	ttttgagggtg	catgcatgga	tgccctgtgg	12240

105

```

aaagttttaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
cacttggagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360
agtctatata atgaggattt tgcaataactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccgggttc ggttcattct 12600
aatgaatata tcacccggtta ctatcggtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
tgattgtccg tcgagcaaat ttacacattg ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aattttttata tttggacta 12780
aatttataac acctttttatg ctaacgtttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900
tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgaagtga atatggtacc acaaggtttg 12960
gagatttaat tgttgcaatg ctgcatggat ggcatataca ccaaaccattc aataattctt 13020
gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080
ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt tttgagggtg atgcatggat 13140
gccctgtgga aagttttaaaa atatttttga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac 13200
catgacatcc acctggagga tgcaataatg aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260
tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320
gttttacacg attataattt cttcatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccgggcca 13380
tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440
tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccgggttcg 13500
gttcattcta atgaatatat caccggttac tatcgtattt ttatgaataa tattctccgt 13560
tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgcctc tagaggatcg atgaattcag 13620
atcggtcgag tggctccttc aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680
tccgcgctca tcggcggggg tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat 13740
tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800
cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaaggttt 13860
atccttcgtc catttgtatg tgcatgccaa ccacaggggt cccca 13905

```

<210> 69

<211> 1443

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

<222> (9)..(1442)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 69

```

gatctaaa atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg 50
      Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr
      1              5              10
gcg gct cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg 98
Ala Ala Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro
15              20              25              30
gag gac gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac 146
Glu Asp Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn
35              40              45
tgg cac gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac 194
Trp His Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp
50              55              60

```

106

gac atg acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg	242
Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser	
65 70 75	
ctc atg aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc	290
Leu Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly	
80 85 90	
aag gag ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc	338
Lys Glu Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg	
95 100 105 110	
tcc aaa ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac	386
Ser Lys Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr	
115 120 125	
gtc tac aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct	434
Val Tyr Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala	
130 135 140	
ctc gtc ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc	482
Leu Val Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val	
145 150 155	
atg ctg gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt	530
Met Leu Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe	
160 165 170	
ctg cac cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga	578
Leu His His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly	
175 180 185 190	
ctc ttt tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa	626
Leu Phe Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys	
195 200 205	
aac aag cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc	674
Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser	
210 215 220	
gca gtc gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc	722
Ala Val Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu	
225 230 235	
gcc tgg tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac	770
Ala Trp Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp	
240 245 250	
gga aag gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac	818
Gly Lys Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr	
255 260 265 270	
ttt tac ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag	866
Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu	
275 280 285	
tcc ttc aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct	914
Ser Phe Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala	
290 295 300	
ctc gaa ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct	962
Leu Glu Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala	
305 310 315	
ggc atc ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt	1010
Gly Ile Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe	
320 325 330	
gga cgc ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc	1058
Gly Arg Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr	
335 340 345 350	

107

gcg	tcc	tgt	gga	ttc	ttg	ctc	gcc	att	gtc	ttt	ggc	ctc	ggc	cac	aac	1106	
Ala	Ser	Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Gly	Leu	Gly	His	Asn		
				355					360					365			
ggc	atg	gcc	acc	tac	aat	gcc	gac	gcc	cgt	ccg	gac	ttc	tgg	aag	ctc	1154	
Gly	Met	Ala	Thr	Tyr	Asn	Ala	Asp	Ala	Arg	Pro	Asp	Phe	Trp	Lys	Leu		
			370				375					380					
caa	gtc	acc	acg	act	cgc	aac	gtc	acg	ggc	gga	cac	ggt	ttc	ccc	caa	1202	
Gln	Val	Thr	Thr	Thr	Arg	Asn	Val	Thr	Gly	Gly	His	Gly	Phe	Pro	Gln		
			385				390					395					
gcc	ttt	gtc	gac	tgg	ttc	tgt	ggt	ggc	ctc	cag	tac	caa	gtc	gac	cac	1250	
Ala	Phe	Val	Asp	Trp	Phe	Cys	Gly	Gly	Leu	Gln	Tyr	Gln	Val	Asp	His		
	400					405				410							
cac	tta	ttc	ccc	agc	ctg	ccc	cga	cac	aat	ctg	gcc	aag	aca	cac	gca	1298	
His	Leu	Phe	Pro	Ser	Leu	Pro	Arg	His	Asn	Leu	Ala	Lys	Thr	His	Ala		
415				420						425					430		
ctg	gtc	gaa	tcg	ttc	tgc	aag	gag	tgg	ggt	gtc	cag	tac	cac	gaa	gcc	1346	
Leu	Val	Glu	Ser	Phe	Cys	Lys	Glu	Trp	Gly	Val	Gln	Tyr	His	Glu	Ala		
				435				440						445			
gac	ctt	gtg	gac	ggg	acc	atg	gaa	gtc	ttg	cac	cat	ttg	ggc	agc	gtg	1394	
Asp	Leu	Val	Asp	Gly	Thr	Met	Glu	Val	Leu	His	His	Leu	Gly	Ser	Val		
			450				455					460					
gcc	ggc	gaa	ttc	gtc	gtg	gat	ttt	gta	cgc	gat	gga	ccc	gcc	atg	taa	a	1443
Ala	Gly	Glu	Phe	Val	Val	Asp	Phe	Val	Arg	Asp	Gly	Pro	Ala	Met			
		465					470					475					

<210> 70

<211> 477

<212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 70

Met	Gly	Lys	Gly	Gly	Asp	Ala	Arg	Ala	Ser	Lys	Gly	Ser	Thr	Ala	Ala
1				5					10					15	
Arg	Lys	Ile	Ser	Trp	Gln	Glu	Val	Lys	Thr	His	Ala	Ser	Pro	Glu	Asp
		20						25					30		
Ala	Trp	Ile	Ile	His	Ser	Asn	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Ser	Asn	Trp	His
		35					40					45			
Glu	His	Pro	Gly	Gly	Ala	Val	Ile	Phe	Thr	His	Ala	Gly	Asp	Asp	Met
	50					55					60				
Thr	Asp	Ile	Phe	Ala	Ala	Phe	His	Ala	Pro	Gly	Ser	Gln	Ser	Leu	Met
65				70						75				80	
Lys	Lys	Phe	Tyr	Ile	Gly	Glu	Leu	Leu	Pro	Glu	Thr	Thr	Gly	Lys	Glu
			85						90					95	
Pro	Gln	Gln	Ile	Ala	Phe	Glu	Lys	Gly	Tyr	Arg	Asp	Leu	Arg	Ser	Lys
		100						105					110		
Leu	Ile	Met	Met	Gly	Met	Phe	Lys	Ser	Asn	Lys	Trp	Phe	Tyr	Val	Tyr
		115					120					125			
Lys	Cys	Leu	Ser	Asn	Met	Ala	Ile	Trp	Ala	Ala	Ala	Cys	Ala	Leu	Val
	130					135					140				
Phe	Tyr	Ser	Asp	Arg	Phe	Trp	Val	His	Leu	Ala	Ser	Ala	Val	Met	Leu
145				150						155					160
Gly	Thr	Phe	Phe	Gln	Gln	Ser	Gly	Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His

108

```

165              170              175
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
180              185              190
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
195              200              205
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
210              215              220
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
225              230              235              240
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
245              250              255
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
260              265              270
Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
275              280              285
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
290              295              300
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
305              310              315              320
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
325              330              335
Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
340              345              350
Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
355              360              365
Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
370              375              380
Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
385              390              395              400
Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
405              410              415
Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
420              425              430
Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
435              440              445
Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
450              455              460
Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465              470              475

```

<210> 71

<211> 17061

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*, *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS

<222> (4554)..(5987)

<223> *Phaeodactylum tricornutum* Delta-6-Desaturase

109

<220>
 <221> CDS
 <222> (2805)..(3653)
 <223> *Caenorhabditis elegans* LPLAT

<220>
 <221> CDS
 <222> (1026)..(1898)
 <223> *Physcomitrella patens* Delta-6-Elongase

<400> 71

```

tggggaaccc tgtggttggc atgcacatac aaatggacga aggataaacc ttttcacgcc      60
cttttaataa tccgattatt ctaataaacg ctctttttctc ttaggtttac ccgccaatat      120
atcctgtcaa acactgatag tttaaactga aggcgggaaa cgacaatctg atcatgagcg      180
gagaattaag ggagtcacgt tatgaccccc gccgatgacg cgggacaagc cgttttacgt      240
ttggaactga cagaaccgca acggtgaagg agccactcag ccgatctgaa ttcacgatc      300
ctctagaggc gcgccgagct cctcgagcaa atttacacat tgccactaaa cgtctaaacc      360
cttgtaattt gtttttgttt tactatgtgt gttatgtatt tgatttgcca taaattttta      420
tatttggtac taaatttata acacctttta tgctaacggt tgccaacact tagcaatttg      480
caagttgatt aattgattct aaattatttt tgtcttctaa atacatatac taatcaactg      540
gaaatgtaaa tatttgctaa tatttctact ataggagaat taaagtgagt gaatatggta      600
ccacaagggt tggagattta attgttgcaa tgctgcatgg atggcatata caccaaacat      660
tcaataattc ttgaggataa taatgttacc acacaagatt tgaggtgcat gaacgtcacg      720
tggacaaaag gtttagtaat ttttcaagac aacaatgtta ccacacacaa gttttgaggt      780
gcatgcatgg atgccctgtg gaaagttaa aaatatattg gaaatgattt gcatggaagc      840
catgtgtaaa accatgacat ccacttgagg gatgcaataa tgaagaaaac taaaatttta      900
catgcaacta gttatgcatg tagtctatat aatgaggatt ttgcaatact ttcattcata      960
cacactcact aagttttaca cgattataat ttcttcatag ccagcccacc gcggtgggcg      1020
gccgc atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc      1070
      Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val
      1           5           10           15
tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg      1118
Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr
      20           25           30
gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc      1166
Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro
      35           40           45
atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt      1214
Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu
      50           55           60
ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt      1262
Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe
      65           70           75
ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc      1310
Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu
      80           85           90           95
agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg      1358
Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg
      100           105           110
tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg      1406
Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala
      115           120           125
att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat      1454

```


110

Ile	Leu	Val	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Tyr	Val	Glu	Phe	Met	Asp	
	130						135					140				
acc	gtt	atc	atg	ata	ctg	aag	cgc	agc	acc	agg	caa	ata	agc	ttc	ctc	1502
Thr	Val	Ile	Met	Ile	Leu	Lys	Arg	Ser	Thr	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	
	145						150					155				
cac	gtt	tat	cat	cat	tct	tca	att	tcc	ctc	att	tgg	tgg	gct	att	gct	1550
His	Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Ser	Leu	Ile	Trp	Trp	Ala	Ile	Ala	
	160					165				170					175	
cat	cac	gct	cct	ggc	ggg	gaa	gca	tat	tgg	tct	gcg	gct	ctg	aac	tca	1598
His	His	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ala	Tyr	Trp	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	
				180					185					190		
gga	gtg	cat	gtt	ctc	atg	tat	gcg	tat	tac	ttc	ttg	gct	gcc	tgc	ctt	1646
Gly	Val	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ala	Tyr	Tyr	Phe	Leu	Ala	Ala	Cys	Leu	
		195						200					205			
cga	agt	agc	cca	aag	tta	aaa	aat	aag	tac	ctt	ttt	tgg	ggc	agg	tac	1694
Arg	Ser	Ser	Pro	Lys	Leu	Lys	Asn	Lys	Tyr	Leu	Phe	Trp	Gly	Arg	Tyr	
		210					215					220				
ttg	aca	caa	ttc	caa	atg	ttc	cag	ttt	atg	ctg	aac	tta	gtg	cag	gct	1742
Leu	Thr	Gln	Phe	Gln	Met	Phe	Gln	Phe	Met	Leu	Asn	Leu	Val	Gln	Ala	
	225					230					235					
tac	tac	gac	atg	aaa	acg	aat	gcg	cca	tat	cca	caa	tgg	ctg	atc	aag	1790
Tyr	Tyr	Asp	Met	Lys	Thr	Asn	Ala	Pro	Tyr	Pro	Gln	Trp	Leu	Ile	Lys	
	240				245					250				255		
att	ttg	ttc	tac	tac	atg	atc	tcg	ttg	ctg	ttt	ctt	ttc	ggc	aat	ttt	1838
Ile	Leu	Phe	Tyr	Tyr	Met	Ile	Ser	Leu	Leu	Phe	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	
			260					265					270			
tac	gta	caa	aaa	tac	atc	aaa	ccc	tct	gac	gga	aag	caa	aag	gga	gct	1886
Tyr	Val	Gln	Lys	Tyr	Ile	Lys	Pro	Ser	Asp	Gly	Lys	Gln	Lys	Gly	Ala	
		275					280					285				
aaa	act	gag	tga	tctagaaggc	ctcctgcttt	aatgagatat	gcgagacgcc									1938
Lys	Thr	Glu														
	290															
tatgatcgca	tgatatttgc	tttcaattct	gttggtgcacg	ttgtataaaaa	cctgagcatg											1998
tgtagctcag	atccttaccg	ccggtttcgg	ttcattctaa	tgaatatatc	acccgttact											2058
atcgtatttt	tatgaataat	attctccgtt	caatttactg	attgtccgtc	gagcaaattt											2118
acacattgcc	actaaacgtc	taaacccttg	taatttggtt	ttgttttact	atgtgtgtta											2178
tgtattttgat	ttgcgataaa	tttttatatt	tggtactaaa	tttataacac	cttttatgct											2238
aacgtttgcc	aacacttagc	aatttgcaag	ttgattaatt	gattctaaat	tattttttgct											2298
ttctaaatac	atatactaata	caactggaaa	tgtaaatatt	tgctaataatt	tctactatag											2358
gagaattaaa	gtgagtgaat	atggtaccac	aagggtttgga	gatttaattg	ttgcaatgct											2418
gcatggatgg	catatacacc	aaacattcaa	taattcttga	ggataataat	ggtaccacac											2478
aagatttgag	gtgcatgaac	gtcacgtgga	caaaagggtt	agtaattttt	caagacaaca											2538
atgttaccac	acacaagttt	tgaggtgcat	gcatggatgc	cctgtggaaa	gtttaaaaat											2598
atgttgga	tgatttgcat	ggaagccatg	tgtaaaacca	tgacatccac	ttggaggatg											2658
caataatgaa	gaaaactaca	aattttacatg	caactagtta	tgcatgtagt	ctatataatg											2718
aggattttgc	aatactttca	ttcatacaca	ctcactaagt	tttacacgat	tataatttct											2778
tcatagccag	cggatccgcc	cacata atg	gag aac ttc	tgg tct att	gtt gtg											2831
		Met	Glu	Asn	Phe	Trp	Ser	Ile	Val	Val						
						295										
ttt	ttt	cta	ctc	tca	att	ctc	ttc	att	tta	tat	aac	ata	tcg	aca	gta	2879
Phe	Phe	Leu	Leu	Ser	Ile	Leu	Phe	Ile	Leu	Tyr	Asn	Ile	Ser	Thr	Val	
	300				305					310				315		
tgc	cac	tac	tat	atg	cgg	att	tcg	ttt	tac	tac	ttc	aca	att	tta	ttg	2927
Cys	His	Tyr	Tyr	Met	Arg	Ile	Ser	Phe	Tyr	Tyr	Phe	Thr	Ile	Leu	Leu	

111

320								325								330	
cat	gga	atg	gaa	gtt	tgt	gtt	aca	atg	atc	cct	tct	tgg	cta	aat	ggg	2975	
His	Gly	Met	Glu	Val	Cys	Val	Thr	Met	Ile	Pro	Ser	Trp	Leu	Asn	Gly		
335								340								345	
aag	ggt	gct	gat	tac	gtg	ttt	cac	tcg	ttt	ttc	tat	tgg	tgt	aaa	tgg	3023	
Lys	Gly	Ala	Asp	Tyr	Val	Phe	His	Ser	Phe	Phe	Tyr	Trp	Cys	Lys	Trp		
350								355								360	
act	ggt	gtt	cat	aca	aca	gtc	tat	gga	tat	gaa	aaa	aca	caa	gtt	gaa	3071	
Thr	Gly	Val	His	Thr	Thr	Val	Tyr	Gly	Tyr	Glu	Lys	Thr	Gln	Val	Glu		
365								370								375	
ggt	ccg	gct	gta	gtt	att	tgt	aat	cat	cag	agt	tct	ctc	gac	att	cta	3119	
Gly	Pro	Ala	Val	Val	Ile	Cys	Asn	His	Gln	Ser	Ser	Leu	Asp	Ile	Leu		
380								385								390	
tcg	atg	gca	tca	atc	tgg	ccg	aag	aat	tgt	gtt	gta	atg	atg	aaa	cga	3167	
Ser	Met	Ala	Ser	Ile	Trp	Pro	Lys	Asn	Cys	Val	Val	Met	Met	Lys	Arg		
400								405								410	
att	ctt	gcc	tat	gtt	cca	ttc	ttc	aat	ctc	gga	gcc	tac	ttt	tcc	aac	3215	
Ile	Leu	Ala	Tyr	Val	Pro	Phe	Phe	Asn	Leu	Gly	Ala	Tyr	Phe	Ser	Asn		
415								420								425	
aca	atc	ttc	atc	gat	cga	tat	aac	cgt	gaa	cgt	gcg	atg	gct	tca	gtt	3263	
Thr	Ile	Phe	Ile	Asp	Arg	Tyr	Asn	Arg	Glu	Arg	Ala	Met	Ala	Ser	Val		
430								435								440	
gat	tat	tgt	gca	tct	gaa	atg	aag	aac	aga	aat	ctt	aaa	ctt	tgg	gta	3311	
Asp	Tyr	Cys	Ala	Ser	Glu	Met	Lys	Asn	Arg	Asn	Leu	Lys	Leu	Trp	Val		
445								450								455	
ttt	ccg	gaa	gga	aca	aga	aat	cgt	gaa	gga	ggg	ttc	att	cca	ttc	aag	3359	
Phe	Pro	Glu	Gly	Thr	Arg	Asn	Arg	Glu	Gly	Gly	Phe	Ile	Pro	Phe	Lys		
460								465								470	
aaa	gga	gca	ttc	aat	att	gca	gtt	cgt	gcg	cag	att	ccc	att	att	cca	3407	
Lys	Gly	Ala	Phe	Asn	Ile	Ala	Val	Arg	Ala	Gln	Ile	Pro	Ile	Ile	Pro		
480								485								490	
gtt	gta	ttc	tca	gac	tat	cgg	gat	ttc	tac	tca	aag	cca	ggc	cga	tat	3455	
Val	Val	Phe	Ser	Asp	Tyr	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Lys	Pro	Gly	Arg	Tyr		
495								500								505	
ttc	aag	aat	gat	gga	gaa	gtt	gtt	att	cga	gtt	ctg	gat	gcg	att	cca	3503	
Phe	Lys	Asn	Asp	Gly	Glu	Val	Val	Ile	Arg	Val	Leu	Asp	Ala	Ile	Pro		
510								515								520	
aca	aaa	ggg	ctc	act	ctt	gat	gac	gtc	agc	gag	ttg	tct	gat	atg	tgt	3551	
Thr	Lys	Gly	Leu	Thr	Leu	Asp	Asp	Val	Ser	Glu	Leu	Ser	Asp	Met	Cys		
525								530								535	
cgg	gac	gtt	atg	ttg	gca	gcc	tat	aag	gaa	gtt	act	cta	gaa	gct	cag	3599	
Arg	Asp	Val	Met	Leu	Ala	Ala	Tyr	Lys	Glu	Val	Thr	Leu	Glu	Ala	Gln		
540								545								550	
caa	cga	aat	gcg	aca	cgg	cgt	gga	gaa	aca	aaa	gac	ggg	aag	aaa	tct	3647	
Gln	Arg	Asn	Ala	Thr	Arg	Arg	Gly	Glu	Thr	Lys	Asp	Gly	Lys	Lys	Ser		
560								565								570	
gag taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca																3703	
Glu																	
tgatatatttgc tttcaattct gttgtgcaog ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag																3763	
atcctttaccg ccggttttcgg ttccattctaa tgaatatatc acccgttact atcgtatttt																3823	
tatgaataat attctccggt caattttactg attgtccgctc gagcaaattt acacatttgcg																3883	
actaaacgtc taaacccttg taattttgttt ttgtttttact atgtgtgttta tgtatttgat																3943	
ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa ttataaacac cttttatgct aacgttttgcg																4003	

112

aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac 4063
 atatactaata caactggaaa tgtaaatatt tgctaataatt tctactatag gagaattaaa 4123
 gtgagtgaat atgggtaccac aagggttgga gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg 4183
 catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat ggtaccacac aagatttgag 4243
 gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt caagacaaca atgttaccac 4303
 acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa gtttaaaaaat attttggaaa 4363
 tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac ttggaggatg caataatgaa 4423
 gaaaactaca aattttacatg caactagtta tgcattgtatg ctatataatg aggtatttgc 4483
 aatacttttca ttcatacaca ctcactaagt ttacacgat tataatttct tcatagccag 4543
 cagatctaaa atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca 4592
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser
 575 580 585
 acg gcg gct cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct 4640
 Thr Ala Ala Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser
 590 595 600
 ccg gag gac gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc 4688
 Pro Glu Asp Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser
 605 610 615
 aac tgg cac gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt 4736
 Asn Trp His Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly
 620 625 630
 gac gac atg acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag 4784
 Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln
 635 640 645
 tcg ctc atg aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc 4832
 Ser Leu Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr
 650 655 660 665
 ggc aag gag ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg 4880
 Gly Lys Glu Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu
 670 675 680
 cgc tcc aaa ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc 4928
 Arg Ser Lys Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe
 685 690 695
 tac gtc tac aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt 4976
 Tyr Val Tyr Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys
 700 705 710
 gct ctc gtc ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc 5024
 Ala Leu Val Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala
 715 720 725
 gtc atg ctg gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac 5072
 Val Met Leu Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp
 730 735 740 745
 ttt ctg cac cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga 5120
 Phe Leu His His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly
 750 755 760
 gga ctc ttt tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg 5168
 Gly Leu Phe Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp
 765 770 775
 aaa aac aag cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc 5216
 Lys Asn Lys His Asn Gly His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser
 780 785 790
 tcc gca gtc gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt 5264
 Ser Ala Val Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu
 795 800 805

113

ctc gcc tgg tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc	5312
Leu Ala Trp Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala	
810 815 820 825	
gac gga aag gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc	5360
Asp Gly Lys Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser	
830 835 840	
tac ttt tac ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac	5408
Tyr Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn	
845 850 855	
gag tcc ttc aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct	5456
Glu Ser Phe Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala	
860 865 870	
gct ctc gaa ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag	5504
Ala Leu Glu Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys	
875 880 885	
gct ggc atc ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc	5552
Ala Gly Ile Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly	
890 895 900 905	
ttt gga cgc ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg	5600
Phe Gly Arg Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala	
910 915 920	
acc gcg tcc tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac	5648
Thr Ala Ser Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His	
925 930 935	
aac ggc atg gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag	5696
Asn Gly Met Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys	
940 945 950	
ctc caa gtc acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc	5744
Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro	
955 960 965	
caa gcc ttt gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac	5792
Gln Ala Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp	
970 975 980 985	
cac cac tta ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac	5840
His His Leu Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His	
990 995 1000	
gca ctg gtc gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac	5885
Ala Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His	
1005 1010 1015	
gaa gcc gac ctt gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg	5930
Glu Ala Asp Leu Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu	
1020 1025 1030	
ggc agc gtg gcc ggc gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga	5975
Gly Ser Val Ala Gly Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly	
1035 1040 1045	
ccc gcc atg taa agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa	6027
Pro Ala Met	
tgagatatgc gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt	6087
gtaaaaaacc tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggt cattctaagt	6147
aatatatcac ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat	6207
tggtccgtcga cgaagtcggc gcgccgtcga cctgcaggca tgcaagcttc acgctgccgc	6267
aagcactcag ggcgcaagg ctgctaaagg aagcggaaca cgtagaaagc cagtccgcag	6327
aaacggtgct gaccccgat gaatgtcagc tactgggcta tctggacaag ggaaaacgca	6387

agcgcaaaga	gaaagcaggt	agcttgacgt	gggcttacat	ggcgatagct	agactgggag	6447
gttttatgga	cagcaagoga	accggaattg	ccagctgggg	cgccctctgg	taaggttggg	6507
aagccctgca	aagtaaaactg	gatggctttc	ttgccgcca	ggatctgatg	gcgaggggga	6567
tcaagatcat	gagcggagaa	ttaagggagt	cacgttatga	cccccgcca	tgacgcggga	6627
caagccgttt	tacgttttga	actgacagaa	ccgcaacgtt	gaaggagcca	ctcagccgag	6687
ggtttctgga	gtttaatgag	ctaagcacat	acgtcagaaa	ccattattgc	gcgttcaaaa	6747
gtcgccaaag	gtcactatca	gctagcaaat	atctcttgct	aaaaatgctc	cactgacgtt	6807
ccataaattc	ccctcggtat	ccaattagag	tctcatattc	actctcaatc	cagatctcga	6867
ctctagtcca	gggcccattg	gagcttggat	tgaacaagat	ggattgcacg	caggttctcc	6927
ggccgcttgg	gtggagaggc	tattcggcta	tgactgggca	caacagacaa	tcggctgctc	6987
tgatgccgcc	gtgttccggc	tgtcagcgca	ggggcgcccg	gttctttttg	tcaagaccga	7047
cctgtccggg	gccctgaatg	aactgcagga	cgaggcagcg	cggtctatcg	ggctggccac	7107
gacggggcgt	ccttgccgag	ctgtgctcga	cggtgtcact	gaagcgggaa	gggactggct	7167
gctattgggc	gaagtgccgg	ggcaggatct	cctgtcatct	caccttgctc	ctgccgagaa	7227
agtatccatc	atggctgatg	caatgcggcg	gctgcatacg	cttgatccgg	ctacctgccc	7287
attcgaccac	caagcgaaac	atcgcatcga	gcgagcacgt	actcggatgg	aagccggtct	7347
tgctgatcag	gatgatctgg	acgaagagca	tcaggggctc	gcgccagccg	aactgttcgc	7407
caggctcaag	gcgcgcatgc	ccgacggcga	ggatctctgc	gtgacctatg	gcgatgcctg	7467
cttgccgaat	atcatgggtg	aaaatggccg	cttttctgga	ttcatcgact	gtggccggct	7527
gggtgtggcg	gaccgctatc	aggacatagc	gttggtacc	cgatgatattg	ctgaagagct	7587
tggcgccgaa	tgggctgacc	gcttccctcg	gctttacggg	atcgccgctc	ccgattcgca	7647
gcgcacgcc	ttctatcgcc	ttcttgacga	gttcttctga	gcgggacca	agctagcttc	7707
gacggatccc	ccgatgagct	aagctagcta	tatcatcaat	ttatgtatta	cacataatat	7767
cgactcagct	ctttcatcta	cggcaatgta	ccagctgata	taatcagtta	ttgaaatatt	7827
tctgaattta	aacttgcatc	aataaattta	tgtttttgct	tggactataa	tacctgactt	7887
gttattttat	caataaatat	ttaaaactata	tttctttcaa	gatgggaatt	aattcactgg	7947
ccgtcgtttt	acaacgtcgt	gactgggaaa	accctggcgt	tacccaactt	aatcgccctg	8007
cagcacatcc	ccctttcgcc	agctggcgta	atagcgaaga	ggcccgccac	gatcgccctt	8067
cccaacagtt	gcgcagcctg	aatggcgccc	gctcctttcg	ctttcttccc	ttcctttctc	8127
gccacgttcg	ccggctttcc	ccgtcaagct	ctaaatcggg	ggctcccttt	aggggtccga	8187
tttagtgctt	tacggcacct	cgaccccaaa	aaacttgatt	tgggtgatgg	ttcacgtagt	8247
gggccatcgc	cctgatagac	ggtttttcgc	cctttgacgt	tggagtcac	gttctttaat	8307
agtggactct	tgttccaaac	tggaaacaaca	ctcaacccta	tctcgggcta	ttcttttgat	8367
ttataaggga	ttttgccgat	ttcggaacca	ccatcaaaca	ggattttcgc	ctgctggggc	8427
aaaccagcgt	ggaccgcttg	ctgcaactct	ctcagggcca	ggcgggtgaag	ggcaatcagc	8487
tgttgcccg	ctcactgggtg	aaaagaaaaa	ccaccccgat	acattaaaaa	cgtccgcaat	8547
gtgttattaa	gttgtctaag	cgtcaatttg	tttacaccac	aatatatcct	gccaccagcc	8607
agccaacagc	tccccgaccg	gcagctcggc	acaaaatcac	cactcgatac	aggcagccca	8667
tcagtccggg	acggcgctcag	cgggagagcc	gttgtaaggc	ggcagacttt	gctcatgtta	8727
ccgatgctat	tcggaagaac	ggcaactaag	ctgccggggt	tgaacacagg	atgatctcgc	8787
ggagggtagc	atgttgattg	taacgatgac	agagcggttg	tgctgtgat	caaatatcat	8847
ctccctcgca	gagatccgaa	ttatcagcct	tcttattcat	ttctcgctta	accgtgacag	8907
gctgtcgatc	ttgagaacta	tgccgacata	ataggaaatc	gctggataaa	gccgctgagg	8967
aagctgagtg	gcgctatttc	tttagaagtg	aacgttgacg	atatcaactc	ccctatccat	9027
tgctcaccga	atggtacagg	tcggggaccc	gaagttccga	ctgtcggcct	gatgcatccc	9087
cggtcgatcg	accccagatc	tggggctgag	aaagcccagt	aaggaaacaa	ctgtaggttc	9147
gagtcgcgag	atcccccgga	accaaaggaa	gtaggttaaa	cccgtccga	tcaggccgag	9207
ccacgcagg	ccgagaacat	tggttcctgt	aggcatcggt	attggcggt	caaacactaa	9267
agctactgga	acgagcagaa	gtcctccggc	cgccagttgc	caggcggtta	aggtgagcag	9327
aggcacggga	ggttgccact	tgccgggtcag	cacggttccg	aacgccatgg	aaaccgcccc	9387
cgccaggccc	gctgcgacgc	cgacaggatc	tagcgctgcg	tttgggtgtca	acaccaacag	9447
cgccacgccc	gcagttccgc	aaatagcccc	caggaccgcc	atcaatcgta	tcgggctacc	9507
tagcagagcg	gcagagatga	acacgaccat	cagcggtctg	acagcgcccta	ccgtcgccgc	9567
gaccccgccc	ggcaggcggt	agaccgaaat	aaacaacaag	ctccagaata	gcgaaatatt	9627

aagtgcgccg	aggatgaaga	tgcgcatcca	ccagattccc	gttggaatct	gtcggacgat	9687
catcacgagc	aataaaccgc	ccggcaacgc	ccgcagcagc	ataccggcga	cccctcggcc	9747
tcgctgttcg	ggctccacga	aaacgccgga	cagatgcgcc	ttgtgagcgt	ccttggggcc	9807
gtcctcctgt	ttgaagaccg	acagcccaat	gatctcgccg	tcgatgtagg	cgccgaatgc	9867
cacggcatct	cgcaaccgtt	cagcgaacgc	ctccatgggc	tttttctcct	cgtgctcgta	9927
aacggaccgc	aacatctctg	gagctttctt	cagggccgac	aatcggatct	cgcggaatc	9987
ctgcacgtcg	gccgctccaa	gccgtcgaat	ctgagcctta	atcacaattg	tcaattttta	10047
tcctctgttt	atcggcagtt	cgtagagcgc	gccgtgcgtc	ccgagcgata	ctgagcgaag	10107
caagtgcgtc	gagcagtgc	cgcttggtcc	tgaaatgcc	gtaaagcgct	ggctgctgaa	10167
ccccacgcg	gaactgaccc	cacaaggccc	tagcgtttgc	aatgcaccag	gtcatcattg	10227
accagggcgt	gttccaccag	gccgctgcct	cgcaactctt	cgaggccttc	gccgacctgc	10287
tcgcgccact	tcttcacgcg	ggtggaatcc	gatccgcaca	tgaggcgga	ggtttccagc	10347
ttgagcgggt	acggctcccg	gtgcgagctg	aaatagtcga	acatccgtcg	ggccgtcggc	10407
gacagcttgc	ggtactttct	ccatatgaat	ttcgtgtagt	ggtcgccagc	aaacagcacg	10467
acgatttctt	cgtcgatcag	gacctggcaa	cgggacgttt	tcttgccacg	gtccaggacg	10527
cggaagcggg	gcagcagcga	caccgattcc	aggtgcccaa	cgcggtcggg	cgtgaagccc	10587
atcgccgtcg	cctgtagggc	cgacaggcat	tcctcggcct	tcgtgtaata	ccggccattg	10647
atcgaccagc	ccaggctcctg	gcaaagctcg	tagaacgtga	aggtgatcgg	ctcgccgata	10707
ggggtgcgct	tcgcgtactc	caacacctgc	tgccacacca	gttcgtcatc	gtcggcccg	10767
agctcgacgc	cggtgtaggt	gatcttcacg	tccttggtga	cgtggaaaat	gacctgtgtt	10827
tgcagcgcct	cgcgccggat	tttcttggtg	cgcggtggtg	acagggcaga	gcgggcccgtg	10887
tcgtttggca	tcgctcgcat	cgtgtccggc	cacggcgcaa	tatcgaacaa	ggaaagctgc	10947
atttctctga	tctgctgctt	cgtgtgtttc	agcaacgcgg	cctgcttggc	ctcgctgacc	11007
tggtttgcca	ggtcctcgcc	ggcggttttt	cgcttcttgg	tcgtcatagt	tcctcgctgtg	11067
tcgatggtca	tcgacttgcg	caaacctgcc	gcctcctggt	cgagacgacg	cgaacgctcc	11127
acggcgggccg	atggcgcggg	cagggcaggg	ggagccagtt	gcacgctgtc	gcgctcgatc	11187
ttggccgtag	cttgctggac	catcgagccg	acggactgga	aggtttcgcg	ggcgccacgc	11247
atgacggtgc	ggcttgcgat	ggttttcggca	tcctcggcgg	aaaaccccgc	gtcgatcagt	11307
tcttgctgtg	atgccttcgc	gtcaaacgtc	cgattcattc	accctccttg	cgggattgcc	11367
ccgactcacg	ccggggcaat	gtgcccttat	tcctgatttg	acccgcctgg	tgccctgggtg	11427
tccagataat	ccaccttatc	ggcaatgaag	tcggtcccgt	agaccgtctg	gccgtccttc	11487
tcgtacttgg	tattccgaat	cttgccctgc	acgaatacca	gcgacccctt	goccaaatac	11547
ttgcgctggg	cctcggcctg	agagccaaaa	cacttgatgc	ggaagaagtc	ggtgcgctcc	11607
tgcttgtcgc	cggcatcggt	gcgccacatc	taggtactaa	aacaattcat	ccagtaaaat	11667
ataatatttt	attttctccc	aatcaggcct	gatcccaggt	aagtcaaaaa	atagctcgac	11727
atactgttct	tccccgatat	cctccctgat	cgaccggacg	cagaaggcaa	tgtcatacca	11787
cttgctcgcc	ctgcgccttc	tcccaagatc	aataaagcca	cttactttgc	catctttcac	11847
aaagatgttg	ctgtctccca	ggtcgccgtg	ggaaaagaca	agttcctctt	cgggcttttc	11907
cgtctttaaa	aaatcataca	gctcgcgcg	atctttaaat	ggagtgtctt	cttcccagtt	11967
ttcgcaatcc	acatcgccca	gatcgttatt	cagtaagtaa	tccaattcgg	ctaagcggct	12027
gtctaagcta	ttcgtatagg	gacaatccga	tatgtcgatg	gagtgaagaa	gcctgatgca	12087
ctccgcatac	agctcgataa	tcttttcagg	gctttgttca	tcttcatact	cttccgagca	12147
aaggacgcca	tcggcctcac	tcatgagcag	attgctccag	ccatcatgcc	gttcaaagtg	12207
caggaccttt	ggaacaggca	gctttccttc	cagccatagc	atcatgtcct	tttcccgttc	12267
cacatcatag	gtggtccctt	tataccggct	gtccgtcatt	tttaaatata	ggttttcatt	12327
ttctcccacc	agcttatata	ccttagcagg	agacattcct	tccttatctt	ttacgcagcg	12387
gtatttttctg	atcagttttt	tcaattccgg	tgatattctc	atttttagcca	tttattattt	12447
ccttctctct	ttctacagta	tttaaagata	ccccaagaag	ctaattataa	caagacgaac	12507
tccaattcac	tgttccttgc	attctaaaa	cttaaatacc	agaaaacagc	tttttcaaag	12567
ttgttttcaa	agttggcgta	taacatagta	tcgacggagc	cgattttgaa	accacaatta	12627
tgggtgatgc	tgccaactta	ctgatttagt	gtatgatggt	gtttttgagg	tgctccagtg	12687
gcttctgtgt	ctatcagctg	tcctctctgt	tcagctactg	acgggggtggt	gcgtaacggc	12747
aaaagcaccg	ccggacatca	gcgctatctc	tgctctcact	gccgtaaaac	atggcaactg	12807
cagttcactt	acaccgcttc	tcaaccgggt	acgcaccaga	aatcattga	tatggccatg	12867

aatggcggttg	gatgccggggc	aacagcccgc	attatggggcg	ttggcctcaa	cacgatttta	12927
cgctcacttaa	aaaactcagg	ccgcagtcgg	taacctcgcg	catacagccg	ggcagtgacg	12987
tcacgcgtctg	cgcggaatag	gacgaacagt	ggggctatgt	cggggctaaa	tcgcgccagc	13047
gctggctggt	ttacgcgtat	gacagtcctc	ggaagacggt	tggtgcgcac	gtattcggtg	13107
aacgcactat	ggcgacgctg	gggcgtctta	tgagcctgct	gtcacccttt	gacgtgggtga	13167
tatggatgac	ggatggctgg	ccgctgtatg	aatcccgcct	gaagggaaag	ctgcacgtaa	13227
tcagcaagcg	atatacgag	cgaattgagc	ggcataacct	gaatctgagg	cagcacctgg	13287
cacggctggg	acggaagtcg	ctgtcgttct	caaaatcggg	ggagctgcat	gacaaagtca	13347
tcgggcatta	tctgaacata	aaacactatc	aataagttgg	agtcattacc	caattatgat	13407
agaatttaca	agctataagg	ttattgtcct	gggtttcaag	cattagtcca	tgcaagtttt	13467
tatgctttgc	ccattctata	gatataattga	taagcgcgct	gcctatgcct	tgccccctga	13527
aatccttaca	tacggcgata	tcttctatat	aaaagatata	ttatcttata	agtattgtca	13587
atatattcaa	ggcaatctgc	ctcctcatcc	tcttcatcct	cttcgtcttg	gtagcttttt	13647
aaatatggcg	cttcatagag	taattctgta	aaggtccaat	tctcgttttc	atacctcggt	13707
ataatcttac	ctatcacctc	aaatggttcg	ctgggtttat	cgcacccccg	aacacgagca	13767
cggcacccgc	gaccactatg	ccaagaatgc	ccaaggtaaa	aattgcccgg	cccgccatga	13827
agtccgtgaa	tgccccgacg	gccgaagtga	agggcaggcc	gccacccagg	ccgcgcctc	13887
cactgcccgg	cacctggctg	ctgaatgtcg	atgccagcac	ctgcggcacg	tcaatgcttc	13947
cgggcgctcg	gctcgggctg	atcgcccatc	ccgttactgc	cccgatcccc	gcaatggcaa	14007
ggactgccag	cgctgccatt	tttgggggtga	ggccgttcgc	ggccgagggg	cgcagccctt	14067
ggggggatgg	gaggcccgcg	ttagcggggc	gggaggggtc	gagaaggggg	ggcaccccc	14127
ttcggcgctg	gcggtcacgc	gcacagggcg	cagccctggg	taaaaacaag	gtttataaat	14187
attggtttaa	aagcaggtta	aaagacaggt	tagcgggtgg	cgaaaaacgg	gcggaaaccc	14247
ttgcaaatgc	tggattttct	gcctgtggac	agccccctca	atgtcaatag	gtgcgcccc	14307
catctgtcag	cactctgccc	ctcaagtgtc	aaggatcgcg	ccccctcatc	gtcagtagtc	14367
gcgccccctc	agtgtcaata	ccgcagggca	cttatcccca	ggcttgtcca	catcatctgt	14427
gggaaactcg	cgtaaaatca	ggcgttttcg	ccgatttgcg	aggctggcca	gtccacagtc	14487
gccggccgaa	atcgagcctg	ccccctcatc	gtcaacgcgc	cgccgggtga	gtcggcccc	14547
caagtgtcaa	cgctccgccc	tcatctgtca	gtgagggcca	agttttccgc	gaggtatcca	14607
caacgcgggc	ggccgcgggtg	tctcgcacac	ggcttcgacg	gcgtttctgg	cgcgtttgca	14667
gggccataga	cggccgccag	cccagcggcg	agggcaacca	gcccgggtgag	cgctcgaaag	14727
gcgctcggtc	ttgccttgct	cgctcggtgat	gtacttcacc	agctccgcga	agtcgctctt	14787
cttgatggag	cgcattgggga	cgtgcttggc	aatcacgcgc	accccccggc	cgtttttagcg	14847
gctaaaaaag	tcatggctct	gccctcgggc	ggaccacgcc	catcatgacc	ttgccaaagt	14907
cgctcctgct	ctcttcgata	ttcgccagca	gggcgaggat	cgtggcatca	ccgaaccgcg	14967
ccgtgcgcgg	gtcgtcggtg	agccagagtt	tcagcaggcc	gcccaggcgg	cccaggctcg	15027
cattgatgcg	ggccagctcg	cggacgtgct	catagtccac	gacgcccgtg	atthttgtagc	15087
cctggccgac	ggccagcagg	taggccgaca	ggctcatgcc	ggccgccgcc	gccttttctct	15147
caatcgctct	tcgttcgtct	ggaaggcagt	acaccttgat	aggtgggctg	cccttctctgg	15207
ttggcttggg	ttcatcagcc	atccgcttgc	cctcatctgt	tacgccggcg	gtagccggcc	15267
agcctcgag	agcaggattc	ccgttgagca	ccgccagggtg	cgaataaggg	acagtgaaga	15327
aggaacaccc	gctcgcgggt	gggcctactt	cacctatcct	gcccgggtga	cgccgttgga	15387
tacaccaagg	aaagtctaca	cgaacccttt	ggcaaaaatc	tgtatatcgt	gcgaaaaagg	15447
atggatatac	cgaaaaaatc	gctataatga	ccccgaagca	gggttatgca	gcggaaaagc	15507
gccacgcttc	ccgaaggag	aaaggcggac	aggtatccgg	taagcggcag	ggtcgggaaca	15567
ggagagcgca	cgaggagct	tccaggggga	aacgcctggg	atctttatag	tcctgtcggg	15627
tttcgccacc	tctgacttga	gcgtcgattt	ttgtgatgct	cgtagggggg	gcggagccta	15687
tggaaaaacg	ccagcaacgc	ggccttttta	cggttcctgg	ccttttgctg	gccttttgct	15747
cacatgttct	ttcctgcgtt	atccccctgat	tctgtggata	accgtattac	cgcttttgag	15807
tgagctgata	ccgctcgccg	cagccgaacg	accgagcgca	gcgagtcagt	gagcgaggaa	15867
gcggaagagc	gccagaaggc	cgccagagag	gccgagcgcg	gccgtgaggc	ttggacgcta	15927
gggcagggca	tgaaaaaagc	cgtagcgggc	tgctacgggc	gtctgacgcg	gtggaaaggg	15987
ggaggggatg	ttgtctacat	ggctctgctg	tagtgagtg	gttgcgctcc	ggcagcggtc	16047
ctgatcaatc	gtcacccttt	ctcggctcct	caacgttctc	gacaacgagc	ctccttttcg	16107

117

```

ccaatccatc gacaatcacc gcgagtcctt gctcgaacgc tgcgtccgga cgggcttcgt 16167
cgaaggcgctc tatcgcggcc cgcaacagcg gcgagagcgg agcctgttca acgggtgccgc 16227
cgcgctcgcc ggcacgcgtg tcgccggcct gctcctcaag cacggcccca acagtgaagt 16287
agctgattgt catcagcgca ttgacggcgt ccccgggcca aaaacccgcc tcgcagagga 16347
agcgaagctg cgcgtcggcc gtttccatct gcggtgcgcc cggtcgcgtg cgggcatgga 16407
tgcgcgcgcc atcgcggtag gcgagcagcg cctgcctgaa gctgcgggca ttcccgatca 16467
gaaatgagcg ccagtcgtcg tcggctctcg gcaccgaatg cgtatgattc tccgccagca 16527
tggcttcggc cagtgcgtcg agcagcgccc gcttggttct gaagtgccag taaagcgccg 16587
gctgtgaac cccaaccgt tccgccagtt tgcgtgtcgt cagaccgtct acgccgacct 16647
cgttcaacag gtccagggcg gcacggatca ctgtattcgg ctgcaacttt gtcattgctt 16707
acactttatc actgataaac ataatatgtc caccaactta tcagtataaa agaatccgcg 16767
cgttcaatcg gaccagcgga ggctgggtccg gaggccagac gtgaaaccca acatacccct 16827
gatcgtaatc ctgagcactg tcgcgctcga cgctgtcggc atcggcctga ttatgccggt 16887
gctgcggggc ctccctgcgc atctgggttca ctgcaacgac gtcaccgccc actatggcat 16947
tctgtggcg ctgtatgcgt tgggtgcaatt tgcctgcgca cctgtgctgg gcgcgctgtc 17007
ggatcggttc gggcgggcggc caatcttgct cgtctcgtcg gccggcgcca gatc 17061

```

<210> 72

<211> 290

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*, *Caenorhabditis elegans*

<400> 72

```

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1          5          10          15
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20          25          30
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35          40          45
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50          55          60
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65          70          75          80
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85          90          95
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100         105         110
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115         120         125
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130         135         140
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145         150         155         160
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165         170         175
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180         185         190
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195         200         205
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210         215         220

```


118

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270
 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285
 Thr Glu
 290

<210> 73

<211> 282

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*, *Caenorhabditis elegans*

<400> 73

Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu
 1 5 10 15
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile
 20 25 30
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val
 35 40 45
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe
 50 55 60
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val
 65 70 75 80
 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys
 85 90 95
 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro
 100 105 110
 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe
 115 120 125
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr
 130 135 140
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met
 145 150 155 160
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn
 165 170 175
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala
 180 185 190
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg
 195 200 205
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val
 210 215 220
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp
 225 230 235 240
 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala
 245 250 255
 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg
 260 265 270

119

Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu
 275 280

<210> 74

<211> 477

<212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens, Caenorhabditis elegans

<400> 74

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 40 45
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
 85 90 95
 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
 100 105 110
 Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
 115 120 125
 Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
 130 135 140
 Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
 145 150 155 160
 Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175
 His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
 180 185 190
 Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
 195 200 205
 His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
 210 215 220
 Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
 225 230 235 240
 Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
 245 250 255
 Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
 260 265 270
 Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
 275 280 285
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 290 295 300
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335

120

Phe	Ser	Phe	Ala	Tyr	Thr	Ala	Phe	Tyr	Phe	Leu	Thr	Ala	Thr	Ala	Ser
			340						345					350	
Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Gly	Leu	Gly	His	Asn	Gly	Met
		355						360					365		
Ala	Thr	Tyr	Asn	Ala	Asp	Ala	Arg	Pro	Asp	Phe	Trp	Lys	Leu	Gln	Val
	370						375					380			
Thr	Thr	Thr	Arg	Asn	Val	Thr	Gly	Gly	His	Gly	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe
385					390					395					400
Val	Asp	Trp	Phe	Cys	Gly	Gly	Leu	Gln	Tyr	Gln	Val	Asp	His	His	Leu
				405					410					415	
Phe	Pro	Ser	Leu	Pro	Arg	His	Asn	Leu	Ala	Lys	Thr	His	Ala	Leu	Val
			420					425					430		
Glu	Ser	Phe	Cys	Lys	Glu	Trp	Gly	Val	Gln	Tyr	His	Glu	Ala	Asp	Leu
		435					440						445		
Val	Asp	Gly	Thr	Met	Glu	Val	Leu	His	His	Leu	Gly	Ser	Val	Ala	Gly
	450					455					460				
Glu	Phe	Val	Val	Asp	Phe	Val	Arg	Asp	Gly	Pro	Ala	Met			
465					470					475					

This Page is inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☐ BLURED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLORED OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REPERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images
problems checked, please do not report the
problems to the IFW Image Problem Mailbox**